

2 | 2021

**VBio**

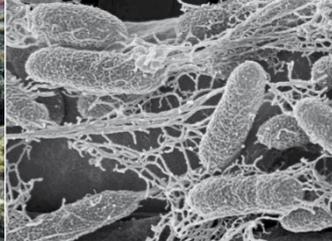
Verband | Biologie, Biowissenschaften  
& Biomedizin in Deutschland



**ORNITHOLOGIE**  
Navigation bei Vögeln



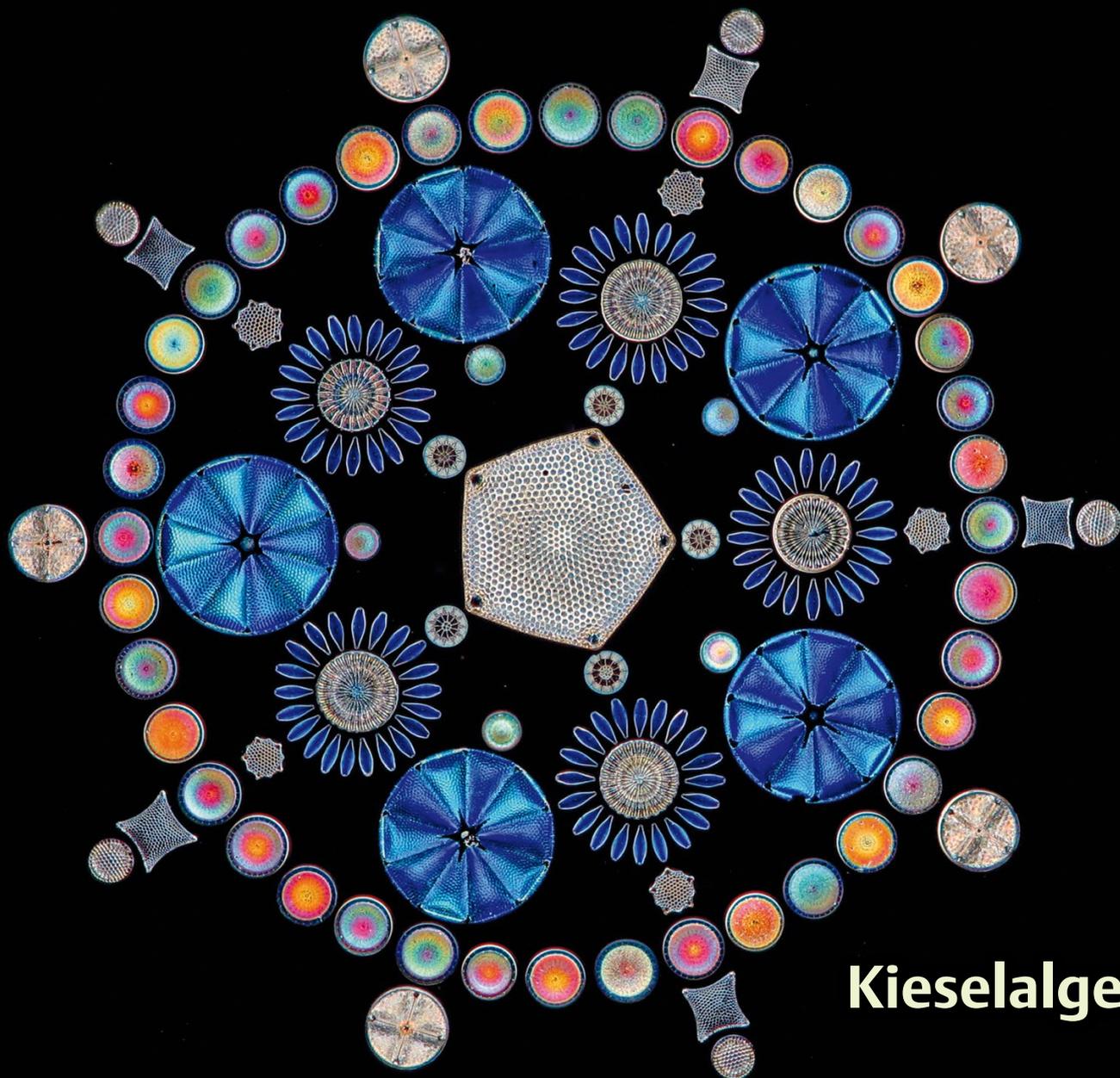
**ÖKOLOGIE**  
Symbiosen im  
Korallenriff



**MIKROBIOLOGIE**  
Sprachstörungen bei  
Mikroben

# BIOLOGIE

IN UNSERER ZEIT



**Kieselalgen**



Verband | Biologie, Biowissenschaften  
& Biomedizin in Deutschland

# PERSPEKTIVEN BERUFSFELD BIOLOGIE

## Berufsfelder Biologie – hier gibt es den Überblick

Der VBIO hat achtzig spannende Porträts von Biowissenschaftlerinnen und Biowissenschaftlern im Beruf zusammengestellt. Berufsfeldübersichten, Kontaktadressen, Tipps und Internet-Links ergänzen die „Perspektiven“.

### **PERSPEKTIVEN – Berufsbilder von und für Biologen und Biowissenschaftler**

- Herausgegeben vom VBIO
- 10. überarbeitete Auflage, DIN A5, 256 Seiten, ISBN 978-3-9810923-3-2
- 14,00 Euro (inkl. Versand),  
12,00 Euro (VBIO-Mitglieder),
- Direktbestellung über [info@vbio.de](mailto:info@vbio.de)



[www.vbio.de](http://www.vbio.de)



## Mögen Sie Boskop lieber als Cox Orange?

Liebe Leserin, lieber Leser, derzeit erlebt das Thema Rassismus aus bedauerlichen Gründen eine dramatische mediale Hochkonjunktur. Rassistisches Denken rechtfertigt sich aus pseudowissenschaftlichen Analogieschlüssen aus biologischem Wissen und führt zur Bewertung von Menschengruppen und Ethnien (im Sinne einer Abstammungsgruppe). Auch wenn Rassismus hauptsächlich ein soziologisches Problem ist, wird diese Ideologie immer noch der Biologie angelastet. Biologen sind sich (weitgehend) einig, dass Rasse, Unterart, Varietät, Sorte, Zuchtform etc. keine realen Entitäten (Natural Kinds) darstellen, sondern dem wissenschaftlichen Imperativ zum Ordnen und Abstrahieren entsprechen. Damit ist der Diskussion um Menschenrassen und Rassismus ohnehin der wissenschaftliche Nährboden entzogen.

In diese Richtung zielt die Jenaer Erklärung der Deutschen Zoologischen Gesellschaft gemeinsam mit der Friedrich Schiller Universität Jena „Das Konzept der Rasse ist das Ergebnis von Rassismus und nicht dessen Voraussetzung“, die auch in der *BiuZ* (6/2019) abgedruckt wurde. Da sich der Inhalt dieser Grundsatzerklärung an der Schnittstelle von Gesellschafts- und Lebenswissenschaften bewegt, war ein konträrer Diskurs darüber vorprogrammiert. In diesem Diskurs legt die *BiuZ* in dieser Ausgabe nun mit zwei Beiträgen nach, die die Frage nach der Realität der subspezifischen Kategorien aus unterschiedlichen Gesichtswinkeln biologischer/zoologischer Disziplinen aufgreifen und beantworten.

Dabei stellen die beiden Artikel jeweils eine Art Pro- und Kontra-Sicht in der Frage dar, ob Rassen überhaupt existieren. Aus den Artikeln wird deutlich, dass heute mit der Frage nach der Existenz von Rassen über die naturwissenschaftlichen und ethischen Aspekte hin-



Erwin Beck war über 30 Jahre Mitglied des *BiuZ*-Kuratoriums und bleibt der Zeitschrift im neu gebildeten Editorial Board treu.

Wolfgang Nellen hat nach langjähriger Tätigkeit im *BiuZ*-Kuratorium mit diesem Jahr die Rolle des Chefredakteurs übernommen.

aus auch wirtschaftliche Konsequenzen (z. B. im Pharmasektor) mit dem Rassebegriff beim Menschen verknüpft werden; von medizinischen Aspekten ganz abgesehen (siehe „Grüße vom Neandertaler“, *Süddeutsche Zeitung* vom 8. Juli 2020 zu COVID-19).

Wir können nicht behaupten, dass die Lektüre der Artikel leichte Kost ist für eine abendliche Entspannung im Lehnstuhl. Sie verlangt fortgeschrittene biologische Kenntnisse, intensives Mitdenken, vielleicht sogar Nachlesen der einen oder anderen Referenz. Bewusst enthalten wir uns auch einer inhaltlichen Beurteilung der Texte. In vielen Bereichen stimmen die Aussagen im Grundsatz überein und dort, wo es Widersprüche gibt, müssen die Leser nachdenken, um zu einer eigenen Entscheidung zu kommen! Natürlich manifestieren sich unterschiedliche Positionen meist an Definitionen, wie die der Rasse.

Rassismus, so zeigen beide Artikel, ist ein gesellschaftliches Problem – der wissenschaftliche Diskurs spielt sich auf einer anderen Ebene ab. Wir müssen darauf achten, dass dieser Diskurs nicht missbraucht wird!

Es grüßen Sie aus der Redaktion,

*Erwin Beck*

*Wolfgang Nellen*



Biologie in unserer Zeit ist die Verbandszeitschrift des Verbandes Biologie, Biowissenschaften & Biomedizin in Deutschland – VBIO e.V. Mehr Informationen finden Sie im Internet unter [www.vbio.de](http://www.vbio.de).

**Verlag:**

Verband Biologie, Biowissenschaften und Biomedizin in Deutschland – VBIO e.V.  
Corneliusstr. 12, 80469 München  
Telefon +49 (0)89/26 02 45 73  
Email: [biuz@vbio.de](mailto:biuz@vbio.de)

**Alleinvertretungsberechtigter Vorstand:**

Prof. Dr. Karl-Josef Dietz, Bielefeld (Präsident)  
PD Dr. Christian Lindermayr, Friedberg (Schatzmeister)

**Managing Editor:**

Dr. Larissa Tetsch (verantwortlich für den Inhalt),  
Steinröselweg 9, 82216 Maisach;  
Telefon +49 (0)81 41/8 88 06 27  
Email: [redaktion@biuz.de](mailto:redaktion@biuz.de)

**Editorial Board:**

Erwin Beck, Bayreuth  
Ralf Dahm, Mainz  
Harald Engelhardt, Martinsried  
Jacob Engelmann, Bielefeld  
Monika Hassel, Marburg  
Christian Körner, Basel  
Karin Krupinska, Kiel  
Wolfgang Nellen, Kassel (Chief Editor)  
Hannes Petrischak, Wustermark  
Felicitas Pfeifer, Darmstadt  
Michael Riffel, Hirschberg  
Udo Schumacher, Hamburg  
Marco Thines, Frankfurt

**Herstellung:**

Dr. Larissa Tetsch,  
Telefon +49 (0)81 41/8 88 06 27  
Email: [redaktion@biuz.de](mailto:redaktion@biuz.de)

**Anzeigenleitung:**

Dr. Carsten Roller, Corneliusstr. 12, 80469 München  
Telefon +49(0)89/26 02 45 73  
Email: [roller@vbio.de](mailto:roller@vbio.de)

**Mitglieder- und Abo-Service:**

VBIO e.V., Geschäftsstelle München,  
Corneliusstr. 12, 80469 München  
Telefon +49(0)89/26 02 45 73 · Fax +49(0)89/26 02 45 74  
Email: [mitgliederservice@vbio.de](mailto:mitgliederservice@vbio.de)

**Preise:**

Bibliotheken und Organisationen: Bitte Rückfrage  
Bei VBIO-Mitgliedschaft inklusiv  
<https://vbio.de/beitritt>

**Geschäftsstellen des Verbandes:**

**Geschäftsstelle München**

Dr. Carsten Roller, Corneliusstraße 12, 80469 München  
Telefon +49(0)89/26 02 45 73, [info@vbio.de](mailto:info@vbio.de)

**Geschäftsstelle Berlin**

Dr. Kerstin Elbing, Luisenstraße 58/59, 10117 Berlin,  
Telefon +49(0)30/27 89 19 16, [elbing@vbio.de](mailto:elbing@vbio.de)

**Satz:**

TypoDesign Hecker GmbH, Leimen.

**Druck und Bindung:**

ColorDruck Solutions GmbH, Leimen.

© VBIO e.V., München, 2021.

Printed in the Federal Republic of Germany.

ISSN 0045-205 X

# BIOLOGIE

2 | 2021 IN UNSERER ZEIT  
[www.biuz.de](http://www.biuz.de)



In der 2. Hälfte des 19. Jahrhunderts war die eigene wissenschaftliche Betätigung Teil der bürgerlichen Kultur. Das Mikroskop war ein noch erschwingliches, wissenschaftliches Instrument, mit dem man diesen Aspekt insbesondere in bürgerlichen Salons sichtbar pflegen konnte. Dazu brauchte man auch professionelle Präparate. Die glasartigen Schalen der Diatomeen sprechen wegen ihrer Symmetrie damals wie heute Menschen ästhetisch an. Diese natürliche Symmetrie wurde gesteigert, indem die etwa 0,3 mm großen Schalen unter dem Mikroskop zu künstlerischen Ornamenten, aber auch in Reihen oder Kreisen arrangiert und dauerhaft fixiert wurden. Die dazu notwendige aufwändige Technik entwickelte in Jahrzehnten vor allem J. D. Möller. Die Abbildung zeigt sein Präparat mit der Bezeichnung „arrangirte Diatomeen“ von 1892 in seiner natürlichen Farbgebung bei etwa 60facher Vergrößerung. Der Kaufpreis für ein solches meisterhaftes Präparat entsprach dem Gegenwert eines Einfamilienhauses. Unseren gleichermaßen informativen und ästhetisch ansprechenden Artikel über Kieselalgen finden Sie auf S. 132. Foto: Matthias Burba.

## MELDUNGEN

106 **Forschung & Entwicklung, Standorte, Digitale Welt, Preise**

## POLITIK UND GESELLSCHAFT

111 **Die Arbeit im VBIO in Corona-Zeiten**

114 **Innovation first, Bedenken second**

116 **„Wir müssen die Chancen in den Mittelpunkt stellen!“**

118 **Ernährung – nur gesund oder macht sie auch glücklich?**

120 **Nicht zu empfehlen: Verzicht auf Antikörper tierischen Ursprungs?**

## TREFFPUNKT FORSCHUNG

122 **Wettkampf gegen die Zeit:**

**Wie das BioRescue-Team das Nördliche Breitmaulnashorn rettet**

124 **Lauschangriff auf Rabenvögel**

125 **Seltene Sandspezialisten: Steppenrüssler in Brandenburg**

127 **Erfolg bei der IBO Challenge 2020**

128 **„Mobiles“ Tortendiagramm zur Ressourcenver(sch)wendung**

130 **Monte-Carlo-Simulationen helfen molekulare Mechanismen zu verstehen**

## MAGAZIN

189 **Bücher und Medien**

192 **Mikroben verstehen: Mikrobielle Kompartimente**

194 **Außerschulische Lernorte: Gläsernes Labor – von „Genome Editing“ bis Neurobiologie**

196 **Partner des Menschen: Mais – ein Geschenk der „Neuen“ Welt an die „Alte“**

198 **Kolumne: Soziales Faulenzen**

IM FOKUS

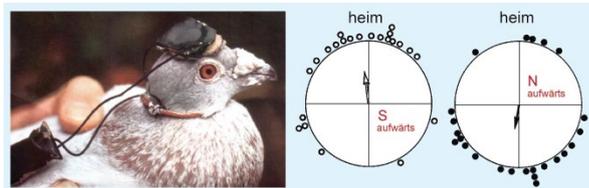
- 132 Kieselalgen – winzig, aber wichtig**  
Jonas Zimmermann | Nélica Abarca |  
Wolf-Henning Kusber | Oliver Skibbe | Regine Jahn
- 142 Quorum Quenching**  
Christel Vollstedt | Wolfgang Streit
- 150 Das Navigationssystem der Vögel – Teil 1**  
Roswitha und Wolfgang Wiltschko

- 161 Symbiosen im Korallenriff**  
Miriam Molenkamp
- 168 Die Unterteilung von Arten in Rassen**  
Werner Kunz
- 179 Rasse ohne Realität**  
Stefan Richter | Torben Göpel

**168 Die Unterteilung von Arten in Rassen**



*Kaum ein anderer biologischer Fachbegriff wird so oft falsch verstanden und für ideologische Weltanschauungen missbraucht wie der taxonomische Begriff der Rasse. Unser Autor erklärt, warum man seiner Meinung nach dennoch am Konzept der Rasse festhalten sollte.*

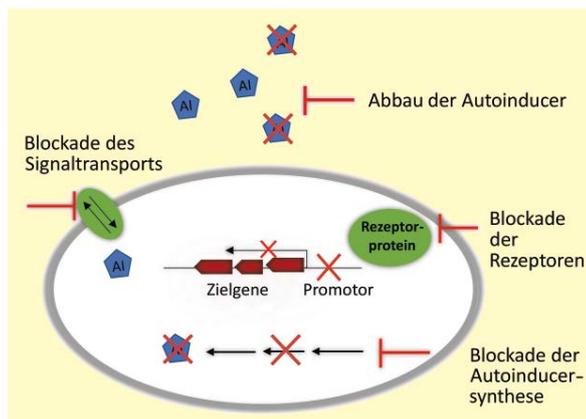


**150 Navigation bei Vögeln – Teil 1**

*Vögel besitzen ein komplexes Navigationssystem, das sich aus angeborenen und erlernten Komponenten zusammensetzt. In zwei Beiträgen fassen unsere Autoren zusammen, was wir darüber wissen. Der erste Beitrag stellt die verschiedenen Kompassmechanismen der Vögel vor.*

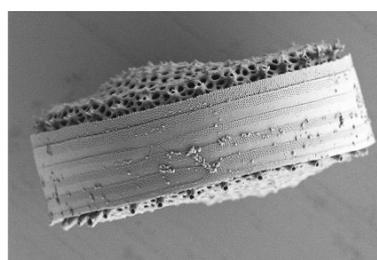
**142 Quorum Quenching**

*Viele Bakterien können mit Hilfe einer chemischen Sprache kommunizieren und dadurch gemeinschaftlich handeln. Die bakterielle Kommunikation zu stören, ist eine vielversprechende Strategie, um Infektionen und Biofilmbildung zu bekämpfen.*



**132 Kieselalgen – klein, aber wichtig!**

*Kieselalgen sind wichtige Primärproduzenten und erzeugen rund ein Viertel des Sauerstoffs in der Erdatmosphäre. Doch trotz ihrer globalen Bedeutung sind erst etwa zehn Prozent der Arten beschrieben. Hier hat die Forschung noch viel zu tun.*



**179 Rasse ohne Realität**

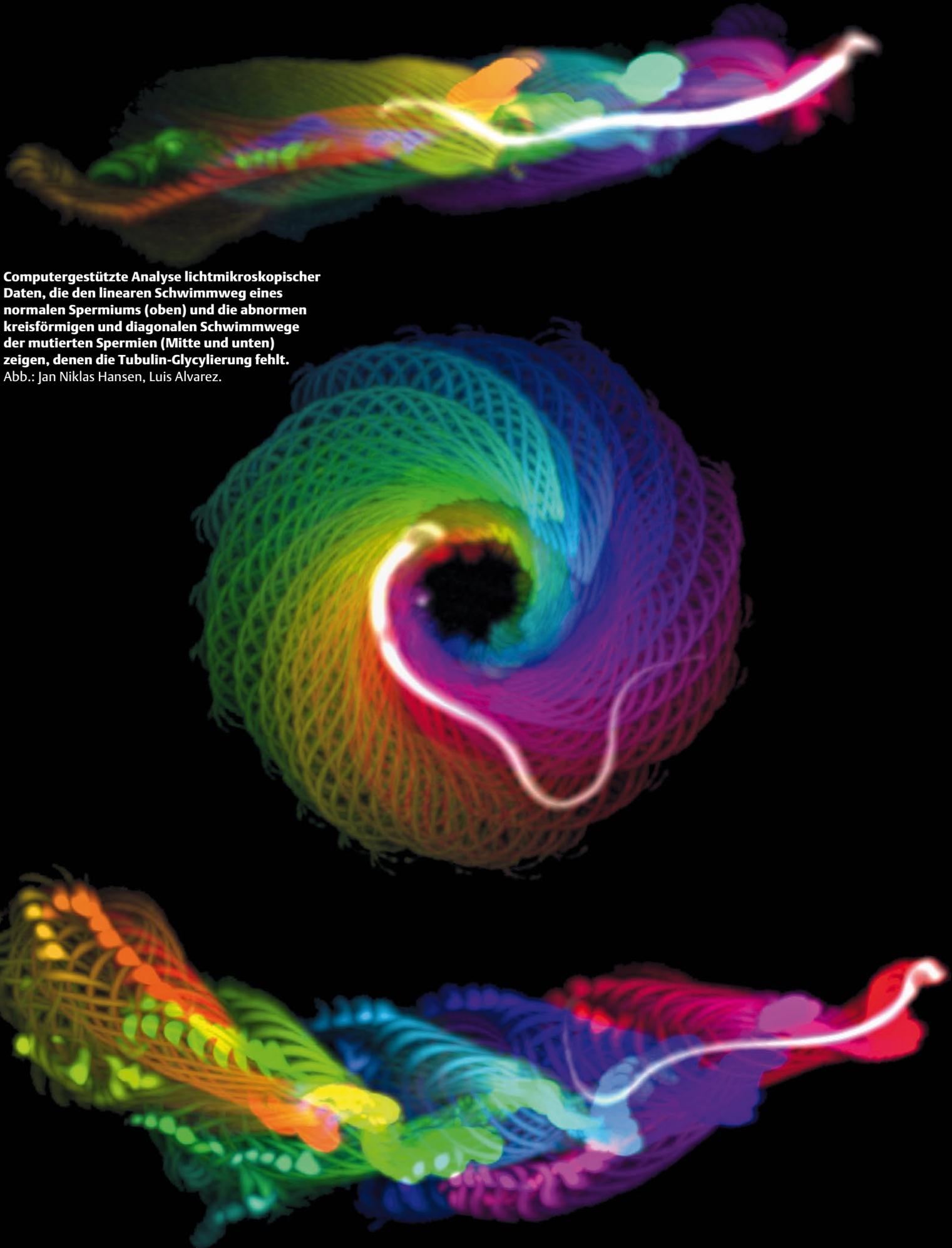
*Die 2019 publizierte „Jenaer Erklärung“ fordert, dass der Nichtgebrauch des Begriffes Rasse beim Menschen zur wissenschaftlichen Redlichkeit gehören sollte. Unsere Autoren erläutern, warum sie Menschenrassen die biologische Realität absprechen.*

**161 Symbiosen im Korallenriff**

*Korallenriffe entstehen aus einer symbiotischen Partnerschaft zwischen Korallen und einzelligen Algen. Darüber hinaus hat der in den Riffen vorherrschende Konkurrenzkampf eine Vielzahl weiterer Formen des Zusammenlebens hervorgebracht.*



**Computergestützte Analyse lichtmikroskopischer Daten, die den linearen Schwimmweg eines normalen Spermiums (oben) und die abnormen kreisförmigen und diagonalen Schwimmwege der mutierten Spermien (Mitte und unten) zeigen, denen die Tubulin-Glycylierung fehlt.**  
Abb.: Jan Niklas Hansen, Luis Alvarez.



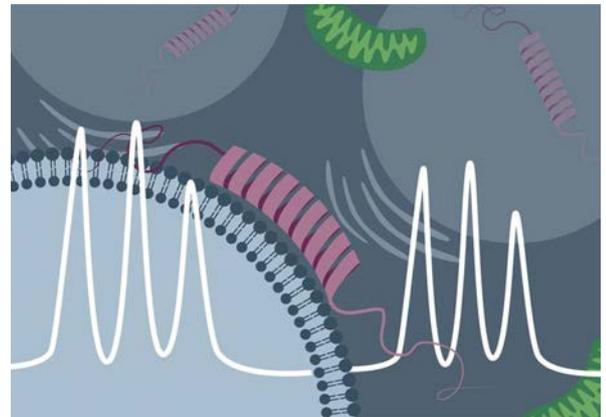
## FORSCHUNG & ENTWICKLUNG

Ein wesentlicher Bestandteil aller eukaryotischen Zellen ist das Zytoskelett. Mikrotubuli, winzige Röhren, die aus einem Protein namens Tubulin bestehen, sind Teil dieses Zellskeletts. Zilien und Geißeln, antennenartige Strukturen, die aus den meisten Zellen unseres Körpers herausragen, enthalten viele Mikrotubuli. Ein Beispiel für eine Geißel ist der Spermenschwanz, der für die männliche Fruchtbarkeit und damit für die sexuelle Fortpflanzung unerlässlich ist. Die Geißel muss in einer sehr exakten und koordinierten Weise vorwärts schlagen, um das Fortbewegen der Spermien zu ermöglichen. Ist dies nicht der Fall, kann dies zu männlicher Unfruchtbarkeit führen. Forscher des Institut Curie in Paris, des Max-Planck-Instituts für molekulare Zellbiologie und Genetik (MPI-CBG) in Dresden, des Forschungszentrums caesar in Bonn gemeinsam mit der Universität Bonn, des Institut Cochin in Paris und des Human Technopole in Mailand zeigen nun, dass eine bestimmte enzymatische Veränderung des Proteins Tubulin, die sogenannte Glycylierung, essenziell ist, damit die Spermien in einer geraden Linie schwimmen. Diese Ergebnisse lassen vermuten, dass eine Störung dieser Veränderung einigen Fällen von männlicher Unfruchtbarkeit beim Menschen zugrunde liegen könnte. Der Erstautor der Studie, Sudarshan Gadadhar vom Institut Curie, erklärt: „Der Kern der Spermiengeißel besteht aus Mikrotubuli, zusammen mit Zehntausenden von winzigen molekularen Motoren, genannt Dyneine, die es ermöglichen, diese Mikrotubuli rhythmisch zu biegen, um Wellen für die Bewegung und Steuerung zu erzeugen. Die Aktivität dieser Dynein-Motorproteine muss exakt koordiniert sein. **Wenn die Glycylierung nicht stattfand, koordinierten sich die Motorproteine untereinander nicht** und wir beobachteten, wie die Spermien plötz-

lich im Kreis schwammen.“ Eine ähnliche Tubulin-kodierte Regulation könnte laut der Studienautoren auch eine Rolle bei anderen Krankheiten spielen, bei denen Zilien beeinträchtigt sind wie Entwicklungsstörungen, Krebs, Nierenerkrankungen oder Atem- und Sehstörungen.“  
[www.mpi-cbg.de](http://www.mpi-cbg.de)

Das Protein  $\alpha$ -Synuclein ist eines der am häufigsten im Gehirn des Menschen vorkommenden Eiweißstoffe. Es wird oft als „Parkinson-Protein“ bezeichnet, da seine Ablagerung in Gehirnzellen ein Kennzeichen der Parkinson'schen Krankheit ist. Trotz des hohen Interesses der biomedizinischen Forschung an dem Protein sind viele Fragen über seine Funktion und Physiologie in lebenden Zellen weiterhin offen. So bestand zum Beispiel bisher Unklarheit darüber, ob und in welchem Maße  $\alpha$ -Synuclein an innere Zellbestandteile wie Membranen bindet und mit diesen interagiert. Da derartige Vorgänge eine Rolle bei der Entstehung der Krankheit spielen könnten, nutzte das Team um den Konstanzer Physikochemiker Prof. Dr. Malte Drescher die Weiterentwicklung eines etablierten Messverfahrens, der sogenannten Elektronenspinresonanz-(ESR)-Spektroskopie, **um mehr über die Bindungseigenschaften des „Parkinson-Proteins“ zu erfahren.** Tatsächlich lieferte dieser erste Praxistest den direkten Nachweis der Bindung von  $\alpha$ -Synuclein an intrazelluläre Membranen. Ein wichtiger Schritt, um in zukünftigen Studien den Vorgang der intrazellulären Bindung von  $\alpha$ -Synuclein an natürliche Zellbestandteile weiter aufzuklären, wird der Wechsel von Froschzellen als Modellsystem zu verschiedenen Säugetierzelltypen sein. Das langfristige Ziel ist, die Protein-Lipid-Interaktionen des „Parkinson-Proteins“ und dessen Rolle bei der Entstehung der Parkinson'schen Krankheit besser zu verstehen, um so geeignete Therapieansätze entwickeln zu können.

[www.uni-konstanz.de](http://www.uni-konstanz.de)



**Bindung von  $\alpha$ -Synuclein an Membranen und ESR-Spektrum.** Grafik: AG Malte Drescher (Universität Konstanz).

In einem Steinbruch in Nordost-Mexiko wurde ein 93 Millionen Jahre alter außergewöhnlicher Hai aus der Kreidezeit entdeckt. Der planktonfressende „Adlerhai“ *Aquilolamna milarcae* besaß riesige, flügelartige Brustflossen, mit denen er **ähnlich wie ein Mantarochen durch die kreidezeitlichen Meere geflogen ist.** „Der Körperbau von *Aquilolamna milarcae* ist wirklich außergewöhnlich. Einzigartig ist, dass er zusätzlich – wie andere Haie auch – mit Schlägen seiner gegabelten Schwanzflosse schwimmen konnte. Mantarochen können dies nicht“, erklärt Prof. Dr. Eberhard Frey vom Naturkundemuseum Karlsruhe. Zu Lebzeiten hatte das Tier bei einer Körperlänge von nur 1,7 Metern eine Brustflossenspannweite von 1,9 Metern. Das breite, vermutlich mit winzigen Zähnen bestückte Maul saß am Ende des stumpfen Kopfes. Der außergewöhnliche Kreidezeit-Hai gibt laut Prof. Dr. Romain Vullo, Paläontologe von der Universität Rennes in Frankreich und Erstautor der Studie, einen neuen Einblick in die Evolutionsgeschichte der Haie. Denn flügelartige Brustflossen in Kombination mit filtrierender Lebensweise kannte man bislang nur von Mantarochen und deren Verwandtschaft. Diese tauchten aber erst 30 Millionen Jahre später in der Erdgeschichte auf. Die Studie zeigt, dass der „Unterwasserflug“ mit den Brustflossen

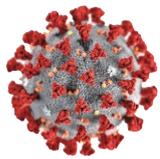
**Rekonstruktion des „Adlerhais“, der vor rund 93 Millionen Jahren gelebt hat.** Foto: Oscar Sanisidro.



bei planktonfressenden Haien und Rochen, beides Plattenkiemer, im Laufe der Evolution offenbar zweimal entstanden ist und zwar auf unterschiedliche Art und Weise, aber mit dem gleichen Ergebnis – nämlich Plankton-seihend durch den offenen Ozean zu fliegen.

[www.snsb.de](http://www.snsb.de)

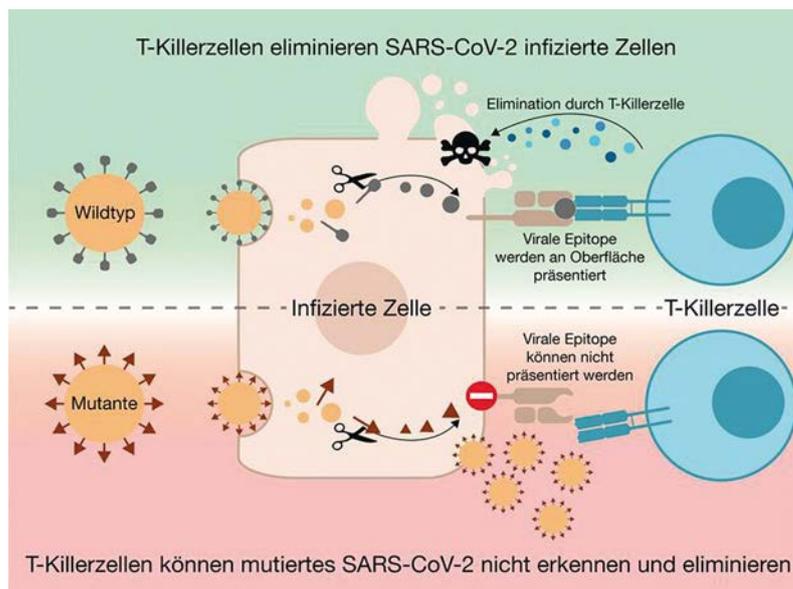
Die körpereigene Immunantwort spielt beim Verlauf einer SARS-CoV-2 Infektion eine entscheidende Rolle. Neben den Antikörpern sind auch sogenannte T-Killerzellen dafür verantwortlich, Viren im Körper aufzuspielen und unschädlich zu machen. Wissenschaftler\*innen des CeMM Forschungszentrum für Molekulare Medizin der Österreichischen Aka-



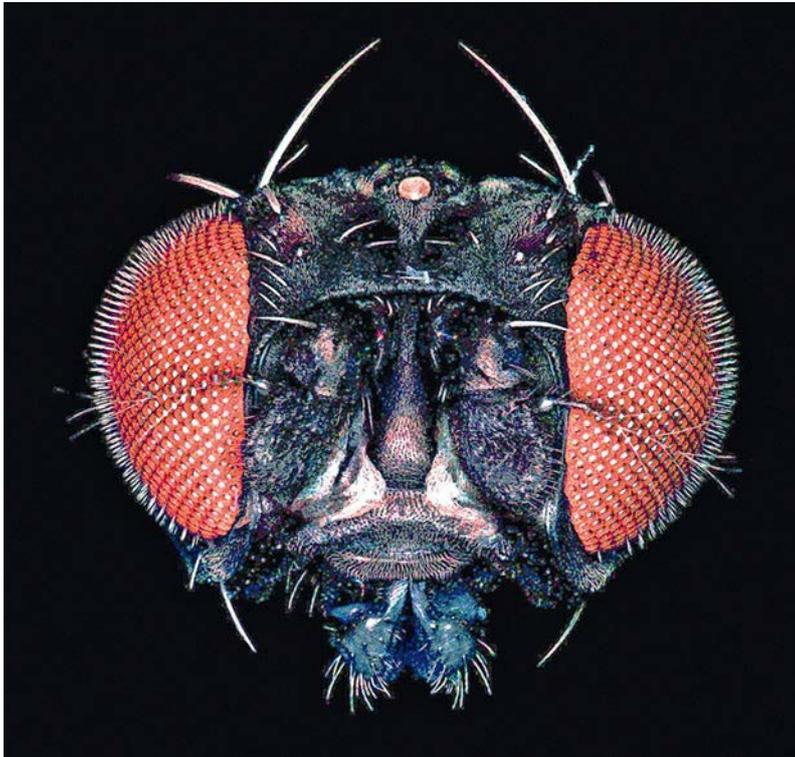
demie der Wissenschaften sowie der Medizinischen Universität Wien zeigten nun in einer Studie, dass sich SARS-CoV-2 durch bestimmte Mutationen für die Immunantwort durch T-Killerzellen unerkennbar machen kann. Dafür sequenzierten sie 750 SARS-CoV-2-Virusgenome von Infizierten. Bei den meisten natürlichen Infektionen stehen mehrere Epitope für die Erkennung durch T-Killerzellen zur Verfügung. Mutiert das Virus an einer Stelle, ist es wahrscheinlich, dass noch andere Epitope die Anwesenheit des Virus verraten. Die meisten der aktuellen Impfstoffe gegen SARS-CoV-2 richten sich allerdings ausschließlich gegen das sogenannte Spike-Protein. „Das Spike-Protein verfügt im Durchschnitt über ein bis sechs dieser T-Zell-Epitope in einem Infizierten. Mutiert das Virus in einer dieser Regionen, steigt das Risiko, dass die infizierten Zellen nicht von den T-Killerzellen erkannt werden“, erklärt Johannes Huppa von der MedUni Wien. Und Kollegin Judith Aberle betont: „Vor allem für die Weiterentwicklung der Impfstoffe müssen wir daher genau im Auge behalten, wie das Virus mutiert und

welche Mutationen sich global durchsetzen. Aktuell sehen wir wenige Hinweise, dass Mutationen in T-Killerzell-Epitopen sich verstärkt verbreiten.“ Diese Resultate liefern wichtige Einblicke, wie SARS-CoV-2 mit dem Immunsystem interagiert. „Darüber hinaus hilft dieses Wissen bei der Entwicklung von effektiveren Impfstoffen mit dem Potenzial, möglichst viele T-Killerzellen über eine Vielzahl von Epitopen zu aktivieren“, so die Studienautor\*innen. [www.cemm.at](http://www.cemm.at)

Grundsätzlich sind so genannte farbopponente Rechenoperationen essentiell für das Farbsehen in Wirbeltieren: Sie sorgen dafür, dass spezialisierte Nervenzellen durch Licht bestimmter Wellenlängen erregt und durch Licht anderer Wellenlängen gehemmt werden. Diese Gegenfarbenneurone ermöglichen das Feststellen von spektralem Kontrast in einer visuellen Szene, in der keine Helligkeitsunterschiede feststellbar sind. Verhaltensexperimente und seltene elektrophysiologische Messungen vor allem im Gehirn von Bienen legten seit längerem nahe, dass in Insektengehirnen ganz ähnliche Mechanismen ablaufen. Wissenschaftler der Universität Freiburg konnten nun im Modellorganismus *Drosophila melanogaster* zeigen, dass bestimmte Nervenzellen des Typus Dm8 durch Licht im blauen und grünen Wellenlängenbereich erregt und durch Licht im ultravioletten Bereich gehemmt werden. Anders als angenommen, erhalten diese Nervenzellen dabei Eingangssignale von allen fünf Klassen von Fotorezeptoren des Auges der Fruchtfliege. Dies zeigt, dass die grundlegenden neuronalen Mechanismen des Farbsehens in Fliegen- und zum Beispiel Säugetiergehirnen ähnlich sind. Die Wissenschaftler fanden zudem heraus, dass neuronale Elemente, die bisher ausschließlich dem Bewegungssesystem zugerechnet wurden, Signale von Fotorezeptoren mit sehr breiter spektraler Sensitivität auf Dm8-Ner-



**Grafische Darstellung einer T-Killerzelle, die eine von SARS-CoV-2 infizierte Zelle erkennt und eliminiert (oben). Mutiertes SARS-CoV-2 wird nicht präsentiert, T-Killerzellen erkennen infizierte Zellen nicht und können diese nicht eliminieren (unten).** Grafik: Benedikt Agerer (CeMM).



**Freiburger Forschende haben die neuronalen Mechanismen des Farbsehens bei der Fruchtfliege identifiziert.** Foto: Christopher Schnaitmann.

venzellen übertragen. Diese unerwartete Schnittstelle zeige, erklärt der Erstautor der Studie Manuel Pagni, **dass neuronale Schaltkreise des Farb- und Bewegungssehens in weit engerem Austausch miteinander stehen**, als bisher angenommen: „Daran anknüpfende Forschung könnte vollkommen neue Einsichten in die Funktion von Insektengehirnen ermöglichen.“  
[www.uni-freiburg.de](http://www.uni-freiburg.de)

## STANDORTE

Acht Hauptakteure für Open Science in Deutschland haben das German Reproducibility Network gegründet. Dieses dezentral organisierte, fächerübergreifende Konsortium strebt an, die Vertrauenswürdigkeit und Transparenz wissenschaftlicher Forschung in Deutschland zu erhöhen. Dabei konzentriert sich das Netzwerk auf folgende Aktivitäten:

- Die Unterstützung von Forscher\*innen bei der eigenen Weiterbildung in Open-Science-Praktiken und bei der Gründung lokaler Open-Science-Communities.
- Die Verknüpfung lokaler oder themenspezifischer Reproducibility-Initiativen zu einem nationalen Netzwerk und die Förderung ihrer Vernetzung.
- Die Beratung von Institutionen bei der Verankerung von Open-Science-Praktiken in ihrer Arbeit.
- Die Vertretung der Open-Science-Community gegenüber den Stakeholdern in der weiteren Wissenschaftslandschaft.

Das GRN ist verankert in einem wachsenden Netzwerk ähnlicher Initiativen in Großbritannien, der Schweiz, Australien und der Slowakei. Es ist offen für neue Mitglieder und bietet verschiedene Möglichkeiten zur Beteiligung. Zu den acht Gründungsmitgliedern gehören die folgenden Open-Science-Akteure in



Deutschland: Berlin University Alliance, QUEST Center des Berlin Institute of Health an der Charité - Universitätsmedizin Berlin, Deutsche Gesellschaft für Psychologie, Helmholtz AI, Helmholtz Open Science Office, LMU Open Science Center, NOSI (Netzwerk der Open-Science-Initiativen) und ZBW - Leibniz-Informationszentrum Wirtschaft.  
[www.reproducibilitynetwork.de](http://www.reproducibilitynetwork.de)

## DIGITALE WELT

Maria Sibylla Merian war eine Spezialistin in mehreren verschiedenen Berufen: Sie unterrichtete ihre Schülerinnen im Zeichnen, Kolorieren und Sticken. Sie malte Blumen und Schmetterlinge in faszinierenden



**In Kupfer gestochenes, koloriertes Titelblatt des Zweiten Raupenbuchs von Maria Sibylla Merian.**

Aquarellen. Sie zeichnete und beschrieb viele Pflanzen und Tiere ganz genau. Sie veröffentlichte ihr umfassendes Wissen in Wort und Bild. **Die Initiative „Merianin 2018+“ für mehr Vielfalt auf Grünflächen** im öffentlichen Raum, in privaten Gärten, auf bisher vernachlässigten Restflächen und sogar auf Balkonen sollte nicht nur 2018, sondern soll nachhaltig und langfristig wirken. Deshalb ist das kleine „+“ ein wichtiger Bestandteil dieses Mottos. Die Initiative „Merianin 2018+“ will dazu beitragen, dass wir die summenden und flatternden Lebewesen auf den faszinierenden Darstellungen der Merianin auch in Zukunft überall in der Natur bewundern können. Viele Informationen über die Künstlerin und Forscherin sowie zum Projekt Merianin 2018+ mit Möglichkeiten zum Mitmachen finden sich unter [www.merianin.de](http://www.merianin.de)

Expedition Erdreich ist die bundesweite **Citizen-Science-Aktion im Wissenschaftsjahr 2020 | 21 – Bioökonomie**. Jeder und jede kann sich daran beteiligen, um Daten über die Bodengesundheit und den Zustand der Böden zu sammeln – ganz einfach mit Teebeuteln. Grundlage für die Aktion ist der sogenannte Tea-Bag-Index, der die Zersetzungsrate der Teebeutel im Boden beschreibt. Im Auftrag des BMBF wurden am

## PREISE

Birgit Hoff erhält den neu geschaffenen, mit 5.000 Euro dotierten **Innovationspreis für angewandte mikrobiologische Forschungsleistungen** der Vereinigung für Allgemeine und Angewandte Mikrobiologie (VAAM). Mit modernen Methoden optimierte die Wissenschaftlerin den Pilz *Asbyya gossypii* für die industrielle Produktion des Vitamins B<sub>2</sub>. Hoff (43) ist Principal Scientist und Projektleiterin bei der BASF SE in Ludwigshafen. Sie studierte Biologie an der Ruhr-Universität Bochum und promovierte dort 2004 in der Arbeitsgruppe von Ulrich Kück in Zusammenarbeit mit der Firma Sandoz über die Regulation der Antibiotika-Synthese in Pilzen. Nach einer Postdoc-Zeit wechselte sie 2010 in die Fermentationsforschung im Bereich der Weißen Biotechnologie der BASF SE.

Der zum 14. Mal verliehene und mit 10.000 Euro dotierte **Forschungspreis für herausragende aktuelle Arbeiten in der Mikrobiologie** ging an Nassos Typas für seine systematischen Analysen bakterieller Genome, die neue Ansätze in der Antibiotikaforschung ermöglichen und Zusammenhänge von Arzneimitteln und Darmbakterien aufzeigen. Typas (42) ist seit 2011 Gruppenleiter und seit 2020 Senior Scientist der Genome Biology Unit am EMBL (Europäisches Laboratorium für Molekularbiologie) in Heidelberg. Er studierte Biochemie an



**Dr. Birgit Hoff.** Foto: privat.

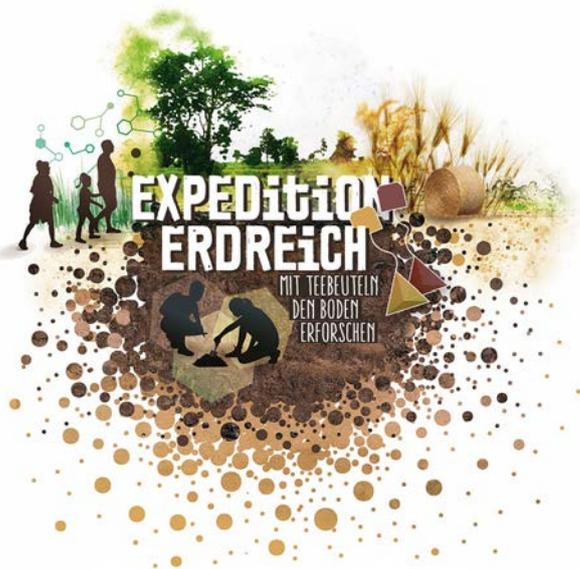


**Dr. Nassos Typas.** Foto: Massimo del Pedre (EMBL).

der Aristoteles-Universität Thessaloniki (Griechenland) und promovierte 2006 in der Arbeitsgruppe von Regine Hengge an der Freien Universität Berlin. Als Postdoc arbeitete er anschließend im Labor von Carol Gross in der Abteilung für Mikrobiologie und Immunologie an der University of California San Francisco (USA). Die Preise wurden auf der online-Jahrestagung der VAAM im März 2021 verliehen.

Leibniz-Institut für die Pädagogik der Naturwissenschaften und Mathematik (IPN) in der Didaktik der Biologie Materialien für das Wissenschaftsjahr „Bioökonomie“ zum Thema Boden entwickelt. Sie bieten Lehrkräften, Schülerinnen, Schülern und Bürgerwissenschaftlerinnen und Bürgerwissenschaftlern eine Vielfalt an prakti-

schen Aktivitäten und Informationen zu dem Thema „Boden“ im Kontext einer Bildung für Nachhaltigkeit. Start der Aktion ist im April 2021. Die Materialien sind online verfügbar unter dem Link: <https://www.expedition-erdreich.de/de/downloads-1741.html>



## FACHGESELLSCHAFTEN

## Die Arbeit im VBIO in Corona-Zeiten

*Im Vordergrund steht der Ausbau digitaler Formate zur Wissenschaftskommunikation.*

Unter dem Dach des VBIO sind aktuell neben den Einzelmitgliedern in Landesverbänden 24 rechtlich selbstständige biowissenschaftliche Fachgesellschaften organisiert. Das Spektrum der Fachgebiete reicht von übergreifenden Themen wie Biologische Systematik, Genetik oder Proteomforschung bis hin zu Mikrobiologie, Mykologie, Pflanzenwissenschaften, Zoologie oder humanbiologischen Inhalten (Abbildung 1). Themen wie die Synthetische Biologie oder Bionik sind ebenfalls im VBIO vertreten. Die einzelnen Fachgesellschaften engagieren sich mit wissenschaftlichen Tagungen, Veröffentlichungen, Preisen, Nachwuchsförderung etc. für ihr jeweiliges Fachgebiet. Daneben gibt es übergreifende Themen, die viele oder gar alle Biowissenschaftler\*innen unabhängig von ihrer Spezialdisziplin betreffen – etwa die Regelungen des *Access and Benefit Sharings*, das Reglement zum Arbeiten mit gentechnisch veränderten Organismen oder das Wissenschaftszeitvertragsgesetz. Solche Themen können durch kleinere, spezialisierte Fachgesellschaften nur ungenügend adressiert werden. „Gemeinsam sind wir stärker“ – dieses Motto begründet die Zusammenarbeit der Fachgesellschaften im VBIO. Der Verband bietet die Möglichkeit, wissenschaftlich, gesellschaftlich und politisch relevante Themen zu diskutieren, gemeinsame Stellungnahmen zu erarbeiten und wirkungsvoll nach außen zu vertreten. Ziel ist es, den Bedürfnissen der Biolog\*innen eine gemeinsame Stimme zu geben – auch und gerade in Pandemiezeiten. Doch wie hat die Corona-Krise den Alltag und das Miteinander innerhalb der Mitgliedsgesellschaften und im VBIO verändert? In den vergangenen Monaten haben sich Vertre-



**ABB. 1** Im VBIO organisierte Fachgesellschaften. Foto: Felicitas Pfeifer.

ter\*innen der Fachgesellschaften im VBIO wiederholt darüber ausgetauscht und berichten hier über ihre Erfahrungen.

### Abschied von Präsenzveranstaltungen

Die wohl letzte analog durchgeführte Tagung vor dem Lockdown war die Jahrestagung der Vereinigung für Allgemeine und Angewandte Mikrobiologie (VAAM), die gemeinsam mit der Deutschen Gesellschaft für Hygiene und Mikrobiologie (DGHM) noch Anfang März 2020 in Leipzig veranstaltet wurde. Sie wurde bereits als „Hybridtagung“ durchgeführt, da viele der eingeladenen internationalen Vortragenden Coronabedingt schon nicht mehr anreisen konnten. Unterstützt wurde die technische Durchführung durch Conventus. Etwa 1250 Teilnehmer\*innen trafen sich für vier Tage an der Leipziger Universität (Abbildung 2). Nach Vorgabe des dortigen Gesundheitsamts sollten die Zuhörer\*innen in den Hörsälen mindestens ein Meter Abstand halten, was allerdings in Spezialvorträgen in den kleineren Hörsälen nur leidlich gelang. Die digitalen Vorträge wurden alle live gehalten, so dass Fragen im Anschluss daran beantwortet wer-

den konnten und ein lebendiger Austausch möglich war. Besonders in Erinnerung geblieben sind mir zwei Vorträge über das Corona-Virus; einer davon kam per Videoschaltung vom Robert-Koch-Institut in Berlin. Der Sprecher berichtete über seinen gerade im Rahmen der *WHO-China Joint Mission* beendeten Besuch in China und zeigte die dort getroffenen drastischen Maßnahmen zur Eindämmung der Infektionsgefahr. Die Maskenpflicht, Kontaktnachverfolgung, der Stopp des öffentlichen Verkehrs sowie der Lockdown einer gesamten Stadt waren beklemmend. Im Nachhinein ist festzustellen, dass bei keinem der Tagungsteilnehmenden eine Infektion mit Sars-CoV-2 auftrat. Für längere Zeit war es das letzte Mal, mit den Kolleg\*innen persönliche Gespräche zu führen. Nur wenige Tage später war Deutschland im Lockdown.

### Ausbau digitaler Formate

Wie die meisten Universitäten betreten die Fachgesellschaften digitales Neuland. Die vielerorts selten genutzten Möglichkeiten virtueller Interaktion wurden überraschend schnell ausgelotet und geplante Präsenzveranstaltungen auf virtuelle Formate umgestellt. Auch der VBIO musste auf digitale Formate ausweichen, alle Gesprächsrunden und Präsidiumssitzungen fanden als Video-



**ABB. 2** Teilnehmende bei der VAAM-Tagung in Leipzig. Foto: Anja Störko.



**Prof. Dr. Felicitas Pfeifer,** Sprecherin der Fachgesellschaften im VBIO und Mitglied der VAAM



**ABB. 3 Videokonferenz des VBIO-Präsidioms.** Foto: Felicitas Pfeifer.

konferenzen statt. Zwar beharrten einzelne darauf, dass Telefonieren leichter sei als diese Online-Meetings; dennoch wurden die digitalen Konferenzen schnell akzeptiert. Es kommunizieren dann „sprechende Kacheln“ in Briefmarkengröße, aber es lief besser als gedacht (Abbildung 3). Und es fiel auf, dass der Zeitaufwand für An- und Abreise zu den Treffen (nebst Kosten dafür) wegfiel. Dennoch wurde und wird der persönliche Austausch schmerzlich vermisst. Es fehlen die Gespräche am Rande und das Ausbrechen aus der eigenen Blase durch die Reise an einen anderen Ort. Von den Fachgesellschaften wurden die Vorteile der digitalen Konferenzen und Vorträge schnell erkannt und meist erstaunt registriert, dass bei diesen Veranstaltungen deutlich mehr Personen teilnehmen und außerdem internationale Teilnehmende leicht dazu stoßen können. Das gilt auch für kleinere Diskussionsrunden, wo es unerheblich geworden ist, wo sich die Teilnehmenden auf dem Planeten befinden. So können Lunchseminare oder Literaturseminare sehr exklusiv gestaltet werden.

Die DECHEMA befindet sich regelrecht im Cyberspace, wie Kathrin Rübberdt konstatiert. Für sie war es ein Jahr voller Erfahrungen, Experimente und Premieren. Von der Beiratssitzung mit 15 Teilnehmenden bis zur Jahrestagung mit 1200 Zuschaltungen wurden die unterschiedlichsten Veranstaltungen

virtualisiert (Abbildung 4). Schnell war allerdings klar, dass es gerade bei wissenschaftlichen Kongressen nicht damit getan ist, ein umfangreiches Vortragsprogramm 1:1 zu streamen. Die geringere Aufmerksamkeitsspanne (und das größere Ablenkungspotenzial) am heimischen Rechner erfordern eine Anpassung der Formate, und hier haben sich kürzere Vorträge und insbesondere mehr gezielte Interaktionen bewährt. Der Vorteil virtueller Angebote ist zweifellos, dass sich hochrangige Sprecher\*innen (und Zuhörer\*innen) aus weit entfernten Ländern einfach einbinden lassen. Daher waren Tagungen, Sitzungen und Workshops der DECHEMA deutlich besser besucht als entsprechende Präsenztreffen. Als Kehrseite der Medaille sieht Rübberdt allerdings, dass die Online-Zusammenarbeit vor allem nur dann gut funktioniert, wenn sich die Teilnehmenden bereits untereinander kennen und das Thema klar umrissen ist. Neue Gruppen, die sich erst kennenlernen und gemeinsame Ziele bestimmen müssen, lassen sich virtuell schlechter organisieren. Der Erfolg virtueller Industrieausstellungen hängt dagegen sehr von deren spezifischen Zielen ab. Formate, die auf Rekrutierung zielen, wurden gut angenommen, während die Bereiche Produktvorstellung und Verkauf weniger zufriedenstellend verliefen. Für die DECHEMA hat das Jahr 2020 gezeigt, wo Vor- und Nachteile der verschiedenen Formate liegen und wie sich diese zukünftig am besten kombinieren lassen.

Andreas Weber von der Deutschen Gesellschaft für Botanik (DGB) bestätigt, dass Online-Formate gut für diejenigen sind, die sich kennen und bereits persönlichen Kontakt haben. Jüngere Wissenschaftler\*innen, die noch ihr Netzwerk aufbauen, hätten es dagegen viel schwerer, bei einer Online-Konferenz mit anderen in Kontakt zu treten. Daher wäre ein freier Austausch in den Diskussionsrunden sehr wichtig.

Christine Lang (VAAM) betont, wie wichtig es sei, nicht nur die Online-Vorträge nacheinander abzuspielen, sondern zusätzlich Diskussionsrunden in *Breakout Rooms* für den individuelleren Austausch anzubieten. Alle für den Herbst 2020 anstehenden Symposien der VAAM-Fachgruppen mussten abgesagt werden und wurden durch digitale Meetings ersetzt. Begeistert war man hier von der unverhofft großen Zahl auch internationaler Teilnehmender.

Bei der Gesellschaft für Versuchstierkunde (GV SOLAS) hatte die digitale Jahrestagung über 1000 Teilnehmende, wie Gero Hilken berichtet. Eine digitale Fortbildungsveranstaltung über Versuchstiere und Tierversuche fand gute Resonanz. Dennoch fehlte das Flair der Präsenzveranstaltung, und der persönliche Kontakt mit den Kolleg\*innen war nicht zu ersetzen. Es war jedoch von Vorteil, dass die im Vorfeld aufgezeichneten Vorträge noch bis zu zwei Wochen nach der Veranstaltung angeschaut werden konnten. Allerdings fanden wissenschaftliche Diskussionen im virtuellen Raum weniger statt. Und praktische Workshops konnten nicht durchgeführt werden. Bei den versuchstierkundlichen Kolloquien haben sich aber die Teilnehmerzahlen durch die Verlagerung in den virtuellen Bereich sogar vervielfacht. So konnten die vorgeschriebenen Fortbildungen mancher Berufsgruppen wie z. B. die für Tierärzte oder für tierexperimentell arbeitende Personen aufrechterhalten werden. Virtuelle Industrieausstellungen sind für Hilken dagegen nur ein schlechter Kompromiss, da man kaum die erforderlichen und hilfreichen persönlichen Kontakte aufbauen kann.

Die Deutsche Gesellschaft für Proteomforschung (DGPF) hatte ihre für 2020 geplante Jahrestagung schon frühzeitig verschoben, berichtet Uwe Völker. Er selbst war aber an der Organisation des HUPO2020 Connect Kongresses mit etwa 1000 Teilnehmenden beteiligt, wo



ABB. 4 Konferenzleitung im DECHEMA-Haus. Foto: DECHEMA.

Vorträge, Postersessions und eine Industrieausstellung digital präsentiert wurden. Für die nicht unerheblichen Kosten von mehreren Zehntausend US\$ konnten in 2020 noch Sponsoren gewonnen werden; zudem wurde eine Teilnahmegebühr erhoben. Während die technische Durchführung gut funktionierte, war der wissenschaftliche Austausch an den Postern weniger intensiv, und die persönlichen Gespräche in den Pausen wurden natürlich vermisst. Es ist allerdings damit zu rechnen, dass sich das Sponsoring von Online-Kongressen in Zukunft schwieriger gestalten wird.

Eine verkürzte Jahrestagung mit etwa 300 Teilnehmenden führte die Deutsche Ornithologische Gesellschaft (DO-G) durch, die im digitalen Format gut angenommen wurde, wie Wolfgang Fiedler erläutert. Dennoch wurde die Präsenzveranstaltung vermisst. Die Online-Formate bieten der DO-G jedoch neue Möglichkeiten: Künftig sollen z. B. Thementage digital angeboten werden.

Für kleinere Runden sind die Online-Angebote nahezu ideal; sie sind unkompliziert und kurzfristig zu organisieren, wie Reinhard Köster von der Gesellschaft für Genetik (GfG) ausführt. Die GfG setzt allerdings auf eine Jahrestagung in Präsenz und plant für September 2021; falls dies zu diesem Zeitpunkt noch nicht möglich sein sollte, wird die

Tagung auf das Frühjahr 2022 verschoben. Online bietet die GfG einen für junge Gruppenleiter\*innen offenen Workshop zum Thema „Wege zur Professur“ und abgeschlossen daran ein Mentoring-Programm.

Der Wissenschaftlerkreis Grüne Gentechnik (WGG) ist laut Klaus-Dieter Jany in seinen Aktivitäten stark betroffen. Kernaktivität der WGG ist die direkte persönliche Ansprache gesellschaftlicher und politischer Zielgruppen, und diese Kontakte waren und sind derzeit weder möglich noch planbar. Dennoch fand eine erfolgreiche Umorientierung auf digitale Kommunikationsformen wie Video und Podcast statt. Die Mitgliederversammlung wurde als Mini-Symposium organisiert und viele Kolleg\*innen, die ansonsten wegen terminlicher Überschneidungen oder aufgrund der großen räumlichen Distanz bisher nicht teilnehmen konnten, sind in diesem Jahr dabei gewesen. Die virtuelle Plattform soll weiterhin regelmäßig genutzt werden.

### Neumitglieder sind schwieriger zu gewinnen

Mehrere Fachgesellschaften beklagen allerdings einen Rückgang bei Neumitgliedern, die üblicherweise im Vorfeld der Jahrestagungen oder anderer Veranstaltungen einer Fachgesellschaft beitreten. Aufgrund der

Verschiebungen von Veranstaltungen und der digitalen Veranstaltungsformate fehlen diese nun. Die VAAM hat 2021 eine komprimierte, zweitägige digitale Version ihrer Jahrestagung angeboten, die die Mitgliederversammlung inklusive der anstehenden Wahlen integriert hat und wieder von Conventus in der technischen Umsetzung begleitet wurde. Katrin Muth ist froh, dass dabei neue Mitglieder gewonnen werden konnten, denn die Teilnahme war nur für Mitglieder kostenfrei. Präsidium und Beirat der VAAM schätzen inzwischen die spontanen und unkomplizierten Zoom-Meetings, auch wenn diese den persönlichen Kontakt nicht immer ersetzen können, und die nicht entstandenen Reisekosten kommen dem allgemeinen Budget zu Gute. Diese digitalen Treffen werden – wie in vielen anderen Fachgesellschaften – nach der Corona-Krise sicher beibehalten werden.

### Fazit nach einem Jahr Corona-Pandemie

Das unerwartete Eintauchen in die digitale Kommunikation hat den wissenschaftlichen Fachgesellschaften viele neue Möglichkeiten aufgezeigt, die schnell, unkompliziert und erfolgreich genutzt wurden. Digitale wissenschaftliche Vortragsreihen mit hunderten Teilnehmenden aus aller Welt, oder einfach und spontan organisierte kleinere Treffen per Video erleichtern die Kommunikation untereinander und werden wohl weiterhin ihren Platz in der Arbeit der Fachgesellschaften haben. Interviews, Vorträge, Lunchseminare, Tagungen und sogar eine Podiumsdiskussion wurden und werden im Digitalformat inzwischen verwirklicht. Dennoch wird es auch in Zukunft unerlässlich sein zu reisen und persönliche Kontakte aufzubauen und zu pflegen. Es wird eine Freude sein, wenn dies wieder möglich sein wird.

Felicitas Pfeifer, Darmstadt

## GRÜNE GENTECHNIK

## Innovation first, Bedenken second

*FDP-Agrarexpertin Carina Konrad, die stellvertretende Vorsitzende im Agrarausschuss des Deutschen Bundestages, über die Chancen neuer Züchtungsmethoden.*

In den letzten Jahren haben mich als Agrarpolitikerin vor allem zwei Persönlichkeiten in meiner Arbeit bestärkt: Norman Borlaug und Emmanuelle Charpentier.

Man kann wohl ohne Übertreibung sagen, dass Norman Borlaug (1914–2009, Friedensnobelpreis 1970) wirklich Großes für die Menschheit geleistet hat, dennoch ist der Name heute leider den wenigsten ein Begriff. Der vor 12 Jahren verstorbene amerikanische Agrarwissenschaftler gilt als Wegbereiter der sogenannten „Grünen Revolution“, die in einer Ernährungswende mündete. Durch innovative Pflanzenzüchtung gelang ihm in den 1960er Jahren eine enorme Steigerung der Weizenproduktion, die Millionen von Menschen in aller Welt vor dem Hungertod bewahrte. Die Weizenpflanzen, die er entwickelte, waren resistenter gegen Pilze und hatten kürzere Triebe, weshalb sie seltener umknickten. Durch dieses Züchtungsverfahren konnte die Weizenproduktion um das Dreifache gesteigert werden. In vielen Ländern Asiens konnten auf diese Weise in den 1960er-Jahren Hungersnöte eingedämmt werden.

Trotzdem ist noch heute jeder neunte Mensch unterernährt – von Mangelernährung ganz zu schweigen, die in Afrika fast die Hälfte aller Kinder betrifft und in ihrer Entwicklung beeinträchtigt. Nahrungsmittel müssen erschwinglich sein, nur so kann Hunger irgendwann besiegt werden. Schon seinerzeit war Borlaug davon überzeugt, dass die wachsende Weltbevölkerung nur dann ausreichend mit Lebensmitteln versorgt werden kann, wenn wir alle Möglichkeiten ausschöpfen, die uns die moderne Pflanzenzüchtung



**ABB. 1** Carina Konrad ist Diplom-Agraringenieurin (FH) und betreibt Ackerbau auf ihrem Hof im Hunsrück (Rheinland-Pfalz). 2017 zog sie für die Freien Demokraten in den Deutschen Bundestag ein. Sie ist Obfrau im Agrarausschuss und weinbaupolitische Sprecherin der FDP-Fraktion. Foto: Friederike Krick.

bietet. Noch heute steht uns eine Mammutaufgabe bevor, um dieses Problem zu bewältigen: Damit wir der steigenden Weltbevölkerung gerecht werden, müssten bis 2050 die Getreideernten Schätzungen zufolge um 70 Prozent erhöht werden. Gleichzeitig bedrohen neue Krankheiten und Schädlinge Nutztiere und Pflanzen, was durch den Klimawandel noch verstärkt wird. Auch in Mitteleuropa spürt die Landwirtschaft seit einigen Jahren,

welche Schäden der Klimawandel durch Dürren, Extremwetterereignisse und Spätfröste anrichtet.

### Innovationen sind die Hoffnung ...

... denn innovative Pflanzenzüchtung ist ein entscheidender Lösungsbaustein für dieses Problem. Emmanuelle Charpentier hat mit der Entwicklung der Genschere eine neue Ära in der Gentechnik eingeläutet: Sie heißt CRISPR/Cas. Mit diesem molekularbiologischen Verfahren lassen sich Teile der Pflanzen-DNA gezielt und kostengünstig verändern. Das Ergebnis sind resistenterer Pflanzen, die abhängig vom Zuchtziel weniger Dünger, Licht, Fläche oder Pflanzenschutzmittel benötigen. Für die Landwirtschaft sind diese Anpassungen ein wichtiger Baustein für die Zukunft. Anders als bei konventionellen Züchtungsverfahren, bei denen Sortenentwicklungen nicht selten länger als zehn Jahre dauern, kann der Einsatz von Genschere diese Entwicklungen enorm beschleunigen.

Das europäische Gentechnikrecht reguliert die neuen Verfahren in der Pflanzenzüchtung nach einem Urteil des EuGH 2018 wie Gentechnik. Dadurch müssen sie ein teures Zulassungsverfahren durchlaufen, das besonders die familiengeprägten Saatzüchter in Deutschland finanziell und personell nicht stemmen können. Das bringt Europa in ein Dilemma, denn die Züchtung genomeditierter Pflanzen ist hier zwar verboten, die Veränderungen sind aber nicht nachweisbar. Die EU und ihre Mitgliedsstaaten müssen daher eine Reform des Gentechnikrechts einleiten, und das schnell!

Mit den klassischen Kreuzungszüchtungen, wie Borlaug sie seinerzeit einsetzte, ist Ernährungssicherheit heute nicht mehr zu garantieren. Es dauert zu lange, bis eine neue Züchtung tatsächlich auf den Acker gelangt. Innovationen sind schließlich zur Anwendung gedacht. Es käme heute auch keiner mehr auf die Idee, sein Smartphone gegen ein

Telefon mit Wählscheibe einzutauschen.

Besonders die Weizenproduktion schreitet danach, schnell gesteigert zu werden. Die Erträge müssten laut der Welternährungsorganisation jährlich um 1,5 Prozent wachsen. Derzeit steigen sie nur um 1,0 Prozent. Die Weizenpreise würden entsprechend anziehen, und das Getreide wäre für die, die es am dringendsten benötigen, am wenigsten erschwinglich. Ausbleibende Neu- und Wiederzulassungen für Pflanzenschutzmittel, die Veränderungen durch den Klimawandel und regulatorische Hindernisse bei der bedarfsgerechten Ernährung von Pflanzen sind Herausforderungen in Deutschland, die Existenzen von landwirtschaftlichen Familienbetrieben kosten, wenn wir die neuen Möglichkeiten nicht nutzen.

Umzudenken und uns auf Veränderung einzulassen, fällt leider auch vielen Politikern heute schwer. Die Ablehnung alles Neuen ist in Deutschland weit verbreitet. Zu groß ist der Wunsch, an Altbewährtem festzuhalten, zu stark die Angst vor dem Unbekannten, der Innovation. Dabei müssen wir Europäer und insbesondere wir Deutsche, die wir auf so vielen Gebieten dem Fortschritt hinterherhinken, endlich den Mut beweisen, neue Wege zu beschreiten. Die Angst vorm Scheitern darf nicht den Aufbruch verhindern.

Als Agraringenieurin bin ich fest davon überzeugt, dass wir wirtschaftliche Stärke und Klimaschutz mit einer nachhaltigen Landwirtschaft erreichen können. Nachhaltigkeit bedeutet für mich, den Schutz unserer Lebens- und Ernährungsgrundlagen und den Respekt vor Mensch und Tier in Einklang zu bringen und nicht gegeneinander auszuspielen. Es geht auch darum, die wirtschaftliche Stärke unseres Landes als Grundlage für eine nachhaltigere Zukunft im Blick zu behalten. Das betrifft nicht nur die Pflanzenzüchtung, sondern generell die

Bemühungen, zukunfts- und lösungsorientierte Technologien in die Fläche zu bringen.

Die USA und andere innovative Nationen haben das längst erkannt. Sie bauen bereits Pflanzen auf ihren Feldern an, die mit Hilfe von Genscheren gezüchtet worden sind. Bei uns in Europa hat die Kampagne gegen grüne Gentechnik den Ruf von innovativen Pflanzenzüchtungen beschädigt – ganz ohne Grund. Das liegt vor allem daran, dass sämtliche Methoden der Gentechnik häufig in einen Topf geworfen werden. Gefühls Wissen dominiert leider heute oft über fundiertes Wissen. Wir müssen differenzieren, statt pauschal abzulehnen!

Lernen wir vom Umgang mit „roter Gentechnik“! Sie ist in der Entwicklung und Forschung von Arzneimitteln Alltag und hat dazu beigetragen, Leid und Schmerz zu lindern. Ein Blick in die Medizin zeigt die Chancen von Innovationen. Die Geschwindigkeit beim Fortschritt der Entwicklung eines Covid-19-Impfstoffes zeigt nun die riesigen Potenziale, die in innovativen Verfahren liegen. Statt nur Krankheiten damit zu bekämpfen, könnten wir die Gesundheit der Menschen erhalten und auf eine ganz neue Ebene stellen. Es ist die Aufgabe der Politik, an dieser Stelle mitzugestalten. Es gibt keinen Grund, der Landwirtschaft innovative Verfahren vorzuenthalten.

### **Es könnte alles so einfach sein ...**

Das riesige technologische Potenzial der Genscheren kann sich wegen der gesetzlichen Vorgaben in Deutschland nicht entfalten. Wir brauchen daher dringend eine Aktualisierung des veralteten EU-Gentechnikrechts, um die industrielle Revolution des 21. Jahrhunderts auch in Deutschland voranzubringen und das Land am neusten Stand der Wissenschaft mitwirken zu lassen. Wir dürfen es nicht riskieren, dass Forschung und Industrie aus Deutschland abwandern, sondern müssen die Voraussetzungen schaf-

fen, dass Wissenschaftler aus aller Welt sich hier ansiedeln.

Während im Silicon Valley an der Entschlüsselung des Erbguts und der Heilung von Krebs geforscht wird, die Verbindung von Informatik, Biochemie, Genetik immer weiter voranschreitet, lebende Organismen künstlich hergestellt werden, schläft Deutschland. Politiker reden hier lieber Risiken herbei, als Chancen zu erkennen; man verliert sich im Suchen nach Problemen statt im Gestalten von Lösungen. Die Gefahr ist groß, dass Deutschland sich durch diese Haltung vom Gestalten der Zukunft abkoppelt. Fehlinformationen und Angstkampagnen von NGOs gegen Gentechnik haben großen Schaden angerichtet. Im Herbst letzten Jahres sehnten aber auch Vertreter der Grünen, die neue Züchtungsmethoden bei Pflanzen skeptisch sehen, die schnellstmögliche Entwicklung eines Impfstoffes gegen Corona herbei.

Das doppelte Spiel mit Angst und Halbwissen behindert die Nutzung der Chancen – und ist eine Barriere gegen alle Bestrebungen, die Chancen der Nachhaltigkeit durch Genscheren zu nutzen. Bei ein und derselben Innovation wird mit zweierlei Maß gemessen, je nachdem, welches Produkt daraus hervorgeht. Das ist nicht nur unlogisch, sondern auch irrational.

Ob Norman Borlaug auch dann den Friedensnobelpreis erhalten hätte, wenn er die Ernährungswende mit Hilfe der CRISPR/Cas-Methode herbeigeführt hätte? Borlaug hatte humanitäre Ziele. Damals war jedes Mittel recht, das seinen Zweck erfüllte, um so viele Menschen wie möglich mit Lebensmitteln zu versorgen. Er war kein Ideologe, sondern Philanthrop. Und diese Haltung scheint 12 Jahre nach seinem Tod mit den Möglichkeiten der heutigen Technologie noch viel erstrebenswerter zu sein.

### **Was zählt, ist das Produkt**

Für die Erfindung der Genschere wurde Charpentier, gemeinsam mit

ihrer Kollegin Doudna, im vergangenen Jahr der Chemienobelpreis verliehen. Diese Auszeichnung muss uns, einer neuen Generation Politiker, ein Anstoß sein, die Chancen neuer Züchtung in all ihren Facetten zu ermöglichen, mit alten Vorurteilen zu brechen und gemeinsam Potenziale für die Zu-

kunft auszuloten, die vielen Menschen das Leben retten werden: Sei es bei der Bekämpfung von Hunger oder dem Kampf gegen lebensbedrohliche Krankheiten. Lasst uns mit modernen molekularbiologischen Verfahren die Zukunft der Menschen retten und uns nicht von Denkverboten daran

hindern. Zählen muss doch in erster Linie das Produkt und sein Nutzen und erst dann die Art und Weise, wie es hergestellt wurde.

*Carina Konrad MdB,  
carina.konrad@bundestag.de,  
www.carinakonrad.de*

## FORSCHUNGSFÖRDERUNG

### „Wir müssen die Chancen in den Mittelpunkt stellen!“

*CSU-Bundestagsabgeordnete und Biochemikerin Katrin Staffler über die Chancen und Herausforderungen in der aktuellen Innovations- und Forschungspolitik.*

Genetische Veränderungen gab es schon immer – nicht nur in der Pflanzenwelt, sondern auch im menschlichen Körper. Als inhärenter Bestandteil unserer Natur sind genetische Veränderungen Grundlage des Lebens. Durch Selektionsdruck, Vererbung und Umwelteinflüsse ist unser Erbgut stetiger Veränderung unterworfen.

Gerade in der Forschung zu molekularbiologischen Technologien im Medizinbereich ist in den letzten Jahren eine rasant schnelle Entwicklung zu beobachten. Spätestens seitdem im letzten Jahr der Chemie-Nobelpreis an die zwei Entdeckerinnen der Genschere CRISPR/Cas9, Emmanuelle Charpentier und Jennifer Doudna, ging, ist die sogenannte Genomeditierung in aller Munde. Gleichzeitig bringt uns ein Impfstoff aus mRNA die ersehnte Hoffnung auf Normalität im Kampf gegen das Coronavirus und erlaubt uns, unsere eigenen Körperzellen zu kleinen Arzneimittelproduzenten zu machen.

Diese Entwicklungen haben unglaublich viel Sichtbarkeit für biowissenschaftliche Themen in der Öffentlichkeit geschaffen. Dieses Momentum müssen wir jetzt nutzen,

um die CHANCEN neuer Technologien in den Lebenswissenschaften in den Mittelpunkt zu stellen!

Wir stehen vor einer Revolution in vielen Bereichen der Medizin. Deshalb muss auch die Politik ihren Beitrag dazu leisten, die vielversprechenden Technologien über die Ziellinie zu bringen. Ich möchte dabei keineswegs die Risiken dieser neuen Methoden ignorieren. Die Hoffnungsträger sind – genau wie andere Technologien – nicht frei von Risiken. Ich bin aber davon überzeugt, dass diese Risiken durch Voranschreiten der Technologien, durch mehr Forschung und Entwicklung minimiert oder sogar vollständig überwunden werden können. Gleichzeitig ist klar: Nicht alles was möglich ist, ist auch nötig, und nicht alles was durchführbar ist, ist auch verantwortbar. Genterapien sollen Krankheiten heilen. Sie dürfen in keiner Form zur Optimierung des Menschen führen. Keimbahn Eingriffe am menschlichen Embryo müssen also das Mittel der letzten Wahl bleiben!

#### **Förderung von Gründungen**

Neben den neuen molekularbiologischen Methoden gibt es zahlreiche

weitere im Bereich der Lebenswissenschaften, die Eines ganz dringend brauchen, um in Zukunft erfolgreich sein zu können: eine schnelle und zielgerichtete Translation wissenschaftlicher Erkenntnisse in die breite Anwendung. In den Lebenswissenschaften ist die Ausgründung von Unternehmen aufgrund der langen Entwicklungszeit und des hohen Finanzbedarfs häufig risikoreich. Unternehmen benötigen zum Beispiel deutlich mehr Zeit, um ihre Produkte fertig zu entwickeln und in Studien zu überprüfen – häufig zu lange für Risikokapitalgeber. Forschende finden daher in Deutschland oft nur wenige Geldgeber, die bereit sind, sich in einer frühen Phase der Entwicklung zu beteiligen. Im Vergleich zu anderen Ländern wagen daher deutlich weniger Forschende den Sprung vom Labor in die Wirtschaft.

Seit 2005 existiert das Programm *GO-Bio initial* des Bundesministeriums für Bildung und Forschung. Die Förderung entsprechender Gründungen erfolgt bereits gezielt in der Frühphase der Projekte. Durch das Schließen der Finanzierungslücke in der Entwicklungsphase können die Teams unter optimalen Bedingungen ihre Ideen weiterentwickeln, um sie später im Zuge einer Unternehmensgründung in kommerzielle Produkte und Dienstleistungen zu transferieren. Durch entsprechende Maßnahmen werden außerdem die unternehmerischen Fähigkeiten der Forschenden geschult. Öffentliche Förderinstrumente wie *GO-Bio* sind allerdings heiß umkämpft in

Deutschland, da private Investoren meist erst dann finanziell einsteigen, wenn sich die Idee und das Konzept als tragfähig erweisen. Die hohe Anzahl der Bewerbungen für die Spitzenförderung zeigt außerdem, dass durchaus eine hohe Nachfrage existiert. Wir müssen in der nächsten Legislaturperiode daher einen klaren Schwerpunkt auf die Förderung von Ausgründungen im Life-Science-Bereich setzen und Forschende stärker beim Transfer in die Anwendung unterstützen!

Zusätzlich zu *GO-Bio initial* existieren bereits zwei sogenannte *Life Science Inkubatoren (LSI)* in Bonn und Dresden. Hier finden Forschende ein modernes und gut ausgestattetes Forschungsinstitut vor, in dem sie die optimale Umgebung finden, um ihre Ideen weiter voranzutreiben. Gleichzeitig werden ihre unternehmerischen Fähigkeiten geschult. Das Inkubationskonzept beruht insgesamt auf den fünf Säulen: Evaluierung, Inkubationsfinanzierung, Projektsteuerung, Personalentwicklung und Transfer in die Unternehmenswelt. Doch die bereits existierenden Inkubatoren reichen nicht aus, die Nachfrage im Bereich der Lebenswissenschaften nach solchen Forschungsinfrastrukturen zu decken. Hier müssen wir zukünftig entsprechende Strukturen weiter ausbauen!

### Bioökonomie als Exportschlager

Wenn wir über Lebenswissenschaften sprechen, kommen wir um ein Thema nicht herum: die Bioökonomie als Wissenschaft der nachhaltigen Nutzung nachwachsender Rohstoffe. In Deutschland nehmen wir in diesem Bereich eine Spitzenposition ein. Im letzten Jahr wurde die Nationale Bioökonomiestrategie von der Bundesregierung beschlossen, die die Ansätze der letzten Jahre klug weiterentwickelt. Die Bioökonomie hat für mich echtes Potenzial zum weltweiten Exportschlager zu werden. Daher müssen wir diesen Bereich weiter stärken und umfassend in den Blick nehmen.



**ABB. 1** Katrin Staffler hat an der TU München Biochemie studiert und war mehrere Jahre in der Forschung tätig. 2017 zog sie für die CSU in den Deutschen Bundestag ein. Sie ist Mitglied im Ausschuss für Bildung, Forschung und Technikfolgenabschätzung sowie im Ausschuss für die Angelegenheiten der Europäischen Union. Seit 2018 ist sie zudem Obfrau der CDU/CSU-Bundestagsfraktion in der Enquete-Kommission „Berufliche Bildung in der digitalen Arbeitswelt“.

Es darf bei sämtlichen Bemühungen nicht nur um einzelne Technologien gehen. Schlussendlich geht es auch um die soziale, gesellschaftliche Komponente und deren Relevanz für den Erfolg der Bioökonomie. Denn am Ende sind es die Verbraucher, die mit ihren Konsumententscheidungen einen wesentlichen Beitrag zum Vorantreiben der Bioökonomie leisten. Der einzelne Verbraucher wird aber nur zu dem nachhaltigen, biobasierten Produkt greifen, wenn er den Vorteil gegenüber dem herkömmlichen, erdölbasierten Produkt kennt. Um dies zu erreichen, müssen wir offen und transparent informieren und kommunizieren.

Apropos Kommunikation: Wir können nicht ignorieren, dass gerade im Bereich der Biotechnologie

immer noch Vorbehalte gegenüber neuen Technologien existieren. Und damit komme ich zu einem Thema, das entscheidend für den Erfolg der biowissenschaftlichen Technologien ist. Wenn wir wirklich wollen, dass diese Technologien zum Erfolg werden, dann braucht es Verständnis. Wir merken gerade jetzt beim Covid-19-Impfstoff, wie viel wir erklären müssen, um diffuse Ängste in der Bevölkerung abzubauen. Aber auch gegenüber der vermeintlich „bösen“ Gentechnik existieren viele Vorbehalte – auch in der Politik! Gerade in solchen stark polarisierten Debatten ist Kommunikation essentiell. Wir müssen also allen Menschen die Möglichkeit geben, sich umfassend über neue Entwicklungen und Innovationen zu informieren. Wir brauchen mündige Bürgerinnen und Bürger, die wissenschaftliche Erkenntnisse reflektieren, Risiken und Chancen von Neuem durchdringen und sich so eine Meinung bilden können. Dazu brauchen wir natürlich zuallererst die Forschenden, die faktenbasiert die wissenschaftlichen Erkenntnisse darlegen. Aber auch Wissenschaftsjournalismus, Industrie und Politik sind in der Pflicht, das Vertrauen in wissenschaftliche Institutionen zu stärken und Wege zu finden, hochkomplexe wissenschaftliche Erkenntnisse verständlich und transparent zu kommunizieren. Nur mit einer breiten Akzeptanz kann in Zeiten von Fake News und einer zunehmenden Erosion des Vertrauens in wissenschaftliche Erkenntnismethoden das Endergebnis zu einem Erfolg für den Innovationsstandort Deutschland werden. Lassen Sie uns also gemeinsam die Debatten mit Mut und Zuversicht führen! Ich bin gespannt, was die nächsten Jahre bringen. Die jüngsten Entwicklungen in der Biotechnologie zeigen, dass vieles möglich ist. Wir müssen es nur wollen.

Katrin Staffler MdB,  
katrin.staffler@bundestag.de  
www.katrin-staffler.de

## FORTBILDUNG

## Ernährung – nur gesund oder macht sie auch glücklich?



Foto: NASA/ESA/DLR

*Das Thema „Ernährung“ ist in Zeiten von Essstörungen und Gewichtszunahmen in Überflussgesellschaften ein wichtiges Thema und für die psychische und physische Gesundheit relevant. Insbesondere in Zeiten einer Pandemie mit eingeschränkten Bewegungsmöglichkeiten und Lockdown rückt es verstärkt ins Blickfeld. Mit der Online-Fortbildungsveranstaltung des LV NRW im VBIO am 13.03.2021 wurde das Thema „Ernährung“ unter verschiedenen Aspekten beleuchtet. Ziel war es, den Lehrkräften Unterrichtsmaterial für eine wissenschaftlich fundierte Vermittlung des Themas „Ernährung“ im Biologieunterricht an die Hand zu geben.*

Noch einmal um ein Jahr verschoben wegen Corona? Das war keine Option für die Vorsitzende des LV NRW im VBIO, Prof. Dr. Gabriele Pfitzer vom Zentrum für Physiologie & Pathophysiologie der Universität zu Köln. Gemeinsam mit Prof. Dr. Jörn Rittweger vom DLR Institut für Luft- und Raumfahrtmedizin hatte sie bereits in 2019 ein sehr erfolgreiches Fortbildungskonzept entwickelt, um im Zusammenspiel der verschiedenen Akteure aus der Deutschen Physiologischen Gesellschaft und engagierten VBIO-Mitgliedern aktuelle Ergebnisse der physiologischen Forschung für den Schulunterricht aufzubereiten. Die Transformation der Veranstaltung in ein digitales Format mit Breakout Rooms für die inhaltliche Arbeit in Kleingruppen gelang nicht zuletzt durch die Einbindung des Informatikstudenten Julian Becher, der sich konzeptionell bei Planung und Durchführung mit einsetzte und für einen reibungslosen technischen Ablauf sorgte. Wie 2019 entstand eine Veranstaltung mit klassisch gehaltenen Vorträgen am Vormittag und durch

die Teilnehmenden gestalteten Foren/Workshops am Nachmittag, für deren Konzeption und Umsetzung Herr STD a. D. Dr. Horst Bickel, langjähriger Fachleiter in der Lehrkräfteausbildung, und Frau LRSD' a. D. Margarete Radermacher, Fachdezernentin für Biologie und Ernährungslehre bis 2017, verantwortlich zeichneten.

Die Vortragenden waren im Vorfeld über zahlreiche Anknüpfungspunkte zu den Biologiekernlehrplänen NRW der Sekundarstufe I und dem Kernlehrplan der Sekundarstufe II informiert worden. Basierend auf den Grundkenntnissen zur Verdauung, aber auch der Neurobiologie, die aus der Sekundarstufe I erwachsen, wurden für den Unterricht Forschungsergebnisse ins Blickfeld gerückt. Bezogen auf das Fach Biologie lieferten die Vorträge Informationen und lebensnahe Kontexte zu den Inhaltsfeldern „Biologie der Zelle“ und „Energiestoffwechsel“ der Einführungsphase, aber auch zum Inhaltsfeld „Neurobiologie“ in der Qualifikationsphase. Auch die Fächer Ernährungslehre und Sport erhielten durch

die Vorträge für den Unterricht wertvolle Impulse aus der aktuellen Forschung. Dieser Zugang über mehrere Fächer macht es möglich, die Inhalte der Fortbildung auch für eine Konzeptentwicklung in der Schule zur Gesundheitserziehung mit Bezug zur Ernährung zu nutzen.

Da dieses Mal die gesamte Veranstaltung digital stattfand, wurden im Vorfeld Moderator\*innen gesucht und geschult, die bereit waren, die Workshops zu moderieren und die Ergebnisse des diesjährigen Ziels, eine Lernaufgabe zu entwickeln, im Plenum zu erläutern. Mit großer Aufgeschlossenheit ließen sich auch die Vortragenden auf dieses Format ein und schalteten sich von einem Breakout Room zum anderen, beantworteten Fragen und nahmen an den Diskussionen teil. Auf diese Weise entstanden in diesen Breakout Sessions mit Blick auf Materialien und Überlegungen Produkte, die nun für Unterrichtsplanungen in der Schule in den Fächern Biologie, Ernährungslehre und Sport einsetzbar sind und weiterentwickelt werden können.

Wunschgemäß nutzten die Vortragenden zur Visualisierung ihrer Ausführungen sehr anschauliche Abbildungen, gut auswertbare schematische Darstellungen, informative Tabellen und Textauszüge auf ihren Folien. Diese wurden den Teilnehmenden über eine Dropbox für die Arbeit in den Workshops und auch für den späteren Dienstgebrauch zur Verfügung gestellt, was alle Teilnehmenden mit großer Dankbarkeit besonders wertschätzten.

### Große Themenvielfalt

Frau Dr. Petra Frings-Meuthen (DLR, Köln) berichtete aus der Perspektive der Weltraumforschung zum Thema: „**Wie ernähren sich Astronauten im Weltall?**“ Sie stellte heraus, dass Stabilität, Nährhaftigkeit, Förderung von Gesundheit und Leistungsfähigkeit sowie geringer Ressourcenverbrauch wichtige, zu beachtende Anforderungen an die Weltraumnahrung sind. So wird z. B. für den Transport und die Förderung der Haltbarkeit

Flüssigkeit entzogen; zur Abtötung von Keimen wird eine Behandlung mit radioaktiven Wellen und Hitze durchgeführt. Interessant: Auch die Akzeptanz der Nahrung findet besondere Berücksichtigung; selbst Sterneköche steuern Köstlichkeiten bei. Ein Konzept für die Weltraumnahrung für zukünftige Langzeitmissionen gibt es auch schon: Es umfasst verpackte funktionale Lebensmittel (angereichert mit Vitaminen und Mineralien), bioregenerative Lebensmittel bis hin zum 3D-Lebensmitteldruck. Untersuchungen bei streng kontrollierter Nahrungszufuhr in sogenannten Bettstudien haben z. B. ergeben, dass für einen Aufenthalt im Weltraum salzhaltige Nahrung vermieden und dass Vitamin D supplementiert werden muss.

Frau Frings-Meuthen hob hervor, dass neben der richtigen Ernährung das Training auf speziell dafür entwickelten Geräten im Weltraum eine wichtige Rolle spielt, denn erst diese Kombination kann Muskel- und Knochenabbauprozessen wirksam begegnen.

Herr Prof. Dr. Dominik Pesta (DLR, Köln) referierte zum Thema „**Wie sinnvoll sind Nahrungsergänzungsmittel im Sport?**“ Er beschrieb, dass Nahrungsergänzungsmittel (NEM) gegebenenfalls gezielt zusätzlich zur gewohnten Ernährung zugeführt werden und rein rechtlich als Lebensmittel gelten. Im Vergleich zu Arzneimitteln, welche umfangreichen Tests von externen Stellen unterzogen werden, ist der Hersteller alleine für die Sicherheit von NEM zuständig. Etwa ein Drittel aller Erwachsenen ergänzt regelmäßig seinen Vitamin- und Mineralstoffbedarf. So nehmen etwa 80 Prozent der Nachwuchsathleten und ca. 87 Prozent der Bundeskaderathleten NEM zu sich, wobei der Konsum mit dem Trainings- und Leistungsniveau steigt. Die Zufuhr von NEM nimmt mit dem Alter zu und ist bei Männern höher als bei Frauen. Motive für die Einnahme sind z. B. der Ausgleich von Nährstoffdefiziten, die die Gesundheit oder die Leistung beeinträchtigen könnten, oder die Unterstützung der Leistungsverbesserung.

Herr Pesta fasste zusammen, dass NEM in bestimmten Kontexten durchaus Sinn machen, etwa zur Vorbeugung oder Behandlung von Nährstoffmängeln (Eisenmangel, Vitamin-D-Defizienz sowie Vitamin B12- oder Calcium-Zufuhr bei vegetarisch/veganer Ernährungsweise), bei eingeschränkter Energiezufuhr (z. B. Gewichtsklasse-Sportarten) und als praktische Form zur Zufuhr von Energie und Nährstoffen (z. B. während intensiver Trainingsphasen oder Reisen). Bestimmte NEM wie Koffein, Kreatin, Nitrat,  $\beta$ -Alanin und Natriumbicarbonat können die sportliche Leistung verbessern. Kritisch mahnte Herr Pesta an, dass vor der Einnahme von NEM andere Faktoren wie Nahrungsmittelqualität und Training optimiert werden sollten. Auch sollten NEM nur von kontrollierten und getesteten Anbietern bezogen werden, um zu vermeiden, dass verunreinigte Präparate möglicherweise einen positiven Dopingbefund oder gar gefährliche Effekte für die Gesundheit nach sich ziehen.

Take-Home Message war, dass eine gesunde, vollwertige Ernährung einen wertvollen Beitrag zum Leistungserfolg von Spitzensportler\*innen leistet, und dass Nahrungsergänzungsmittel in bestimmten Situationen sinnvoll sein können. „Eat smart!“ war die Empfehlung von Herrn Pesta. So könne z. B. der Einsatz von Kohlenhydratmischungen (Glukose und Fruktose) im Vergleich zu einzelnen Kohlenhydraten die Leistungsfähigkeit im Ausdauersport deutlich verbessern.

Frau PD Dr. Friederike Stumpff (Institut für Veterinär-Physiologie, Freie Universität Berlin) gab eine Einführung in die Physiologie des Gastrointestinaltrakts des Menschen unter dem Titel „**Mechanismen der Nahrungsaufnahme**“. Zunächst wurden wichtige Sekretionsvorgänge im Magen dargelegt und wie dieser sich vor Selbstverdauung durch Bildung einer von Bicarbonat gepufferten Muzin-Schicht (Produkt der Mucosazellen) schützt. Auch die Funktionen der von den Belegzellen produzierten Magensäure und des Pepsinogens

(inaktive Form des Pepsins und Produkt der Hauptzellen), wurden erklärt. Bei der Darstellung der Spaltungs- und Aufnahmeprozesse im Dünndarm standen Enzyme zur Protein-, Fett- und Kohlenhydratverdauung sowie ausgewählte Resorptionsmechanismen für einige Spaltprodukte im Fokus. Kurz angesprochen wurde das Zusammenspiel von Dünndarm, Leber und Bauchspeicheldrüse.

Schließlich stellte Frau Stumpff die provokante Frage, weshalb es eigentlich den Dickdarm gibt. Sie hob dessen Rolle bei der fermentativen Verdauung von Ballaststoffen mittels mikrobieller Enzyme sowie bei der Resorption von Fettsäuren hervor. Sie rundete ihren Vortrag mit der Herausstellung der Vor- und Nachteile einer pflanzlichen Ernährung mit vielen Ballaststoffen ab. Diese biete Vorteile im Sinne einer ausgeglichenen Versorgung mit kurzkettigen Fettsäuren zur Deckung des Energiebedarfs bei Vermeidung von Glukosespitzen – wichtige Strategien bei der Bekämpfung der Volkskrankheiten Adipositas und Diabetes (Typ II). Andererseits habe die rein pflanzliche Ernährung mit Ballaststoffen Nachteile für Kinder im Wachstum oder bei Anorexie, da das Hungergefühl gedämpft und es zu Mangel an Vitaminen, Eiweiß, Calcium und Eisen kommen könne.

Immer wieder rückte Frau Stumpff transportphysiologische Vorgänge in den Mittelpunkt ihrer Betrachtungen, zeigte den Aufbau der organotypischen Membranen, schilderte die hochspezifischen und zum Teil auch energieverbrauchenden Transportvorgänge an den Membranen und durch die Zellen hindurch. Ionenkanäle und die Rolle der Natriumpumpe wurden dargestellt sowie Zustände im jeweils thematisierten Organ und Intrazellularraum sowie Blut. Sie informierte auch darüber, welche Bedeutung Kohlenhydrate, Proteine und Fette für den menschlichen Körper haben.

Frau Prof. Dr. Tatiana Korotkova (Institut für Vegetative Physiologie, Universität zu Köln) erläuterte mit ihrem Vortrag zum Thema „**Nahrung, Belohnungssystem und Essstörungen**“

gen“ die neuronalen Steuerungssysteme unseres Essverhaltens in unserem Körper. Eine Schlüsselrolle nimmt dabei der Hypothalamus ein, wobei sie auf interessante Zusammenhänge zwischen Hunger, Schlaf-Wach-Zustand und Fortbewegung hinweist. Erstaunliche Ergebnisse zur Kontrolle der neuronalen Aktivität konnten mithilfe der Optogenetik durch selektive Aktivierung bzw. Inaktivierung lichtgesteuerter Ionenkanäle erzielt werden. So konnte z. B. nachgewiesen werden, dass die Aktivierung von AGRP-Neuronen die Nahrungsaufnahme steigert und eine Inaktivierung das Hungergefühl dämpft und bei völliger Ausschaltung zum Tod führt. Sie legte dar, wie sowohl metabolische Signale über Leptin (Fettgewebe), Insulin (Bauchspeicheldrüse) und Ghrelin (Magen) sowie nicht-metabolische Faktoren wie Kognition, Belohnung, Stress und Depression unser Essverhalten beeinflussen. Unter anderem machte sie auch deutlich, dass z. B. Anorexia nervosa kein Phänomen der heutigen Zeit ist, sondern schon Ende des 19. Jahrhunderts als Krankheitsbild beschrieben wurde.

Abschließend zeigte Frau Korotkova auf, wie die Aktivierung von GABA-Neuronen im Hypothalamus die Nahrungsaufnahme steigert und belohnend wirkt. Bei Sucht ist das dopaminerge System stark aktiviert; ein Übermaß an Nahrungszufuhr aber

führe zu Adipositas, die mit einem defekten Leptin-System einhergeht.

Frau Dr. Miriam Jackels (Klinik für Kinder- und Jugendmedizin, Universitätsklinik Köln) informierte zum Thema „**Übergewicht bei Kindern und Jugendlichen: Verbreitung, Ursachen und Folgen**“. Sie zeigte auf, dass die Zahl der adipösen Kinder und Jugendlichen in der Vergangenheit auch in Deutschland ständig gestiegen ist. Die USA weisen im Vergleich dazu noch weit höhere Zahlen auf. Als bedenklich schilderte sie die Tatsache, dass Eltern oft die schleichende Gewichtszunahme ihrer Kinder gar nicht bemerken oder sie zumindest nicht als gesundheitsschädlich einstufen. Die Kombination aus Bewegungsmangel und falscher Ernährung sind Ursachen dieser Entwicklung. Als erschreckendes Beispiel stellte sie eine Untersuchung in Großbritannien (The Guardian 2014) vor: Danach haben drei Viertel der Kinder weniger Zeit draußen verbracht als Inhaftierte – so deutlich ist die Zeit, die mit Spielen in Parks, Wäldern und Feldern verbracht wird, gesunken! Gründe sind fehlende Grünflächen und die extreme Zunahme der Bildschirmzeit sowie Ängste der Eltern. Obwohl es durchaus vielfältige epigenetische Ursachen für die Entwicklung von Adipositas gibt, seien monogenetische Ursachen recht selten. Allerdings beschrieb die Referentin auch, dass Kinder übergewichtiger

Eltern ein höheres Risiko zur Entwicklung von Übergewicht aufweisen. Interessant war auch ihr Hinweis auf den Zusammenhang zwischen Entwicklung von Übergewicht und unnatürlichem Lebensrhythmus mit Blick auf die Schlafdauer (social jetlag).

Frau Jackels informierte auch darüber, dass der Body-Mass-Index bei sportbedingter hoher Muskelmasse zu Fehlinterpretationen führen kann.

### Fazit und Ausblick

In parallelen Workshops am Nachmittag konnten dann die Erkenntnisse aus den Vorträgen in konkrete Lernzielkonzepte umgesetzt werden. Im finalen Plenum wurden die Ergebnisse dann vorgestellt und diskutiert. Die Rückmeldungen im Plenum zum gesamten Veranstaltungsformat waren überaus positiv. Insbesondere wurde auch die Ausweitung auf andere Bundesländer begrüßt, da der Einblick in andere Lehrpläne und Unterrichtsinhalte als sehr gewinnbringend bewertet wurde. In 2022 wird es daher wieder eine gemeinsame Fortbildung geben. Die Vorteile einer Präsenzveranstaltung könnten dann durch ein Hybridformat mit den Vorteilen einer größeren, bundesweiten Reichweite kombiniert werden.

*Margarete Radermacher  
Vizepräsidentin des VBIO,  
Sprecherin der Landesverbände und  
Mitglied im Vorstand des LV NRW*

## AUS DEM VBIO

### Nicht zu empfehlen: Verzicht auf Antikörper tierischen Ursprungs?

*Das EU-Referenzlaborator für Alternativen zu Tierversuchen (EURL ECVAM) empfiehlt, Tiere zukünftig nicht mehr für die Entwicklung und Produktion von Antikörpern zu verwenden. Dies hat zu einiger Unruhe bei den Betroffenen geführt. Welche Konsequenzen Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler befürchten, sollte die Empfehlung in die Praxis umgesetzt werden, hat jetzt eine Umfrage des AK Tierversuche im VBIO gezeigt [1].*

Antikörper haben ein sehr breites Einsatzgebiet. Sie sind essentielle Nachweisreagenzien in der Grundlagenforschung ebenso wie in vielen

diagnostischen Verfahren. Nicht zuletzt sind Antikörper von großer Bedeutung als Therapeutika. Ohne Antikörper wäre die biomedizinische For-

schung kaum denkbar – ebenso wenig wie weite Teile der Immunologie, Zellbiologie, Molekularbiologie, Entwicklungsbiologie, Biochemie und Pharmakotherapie. Zur Herstellung von Antikörpern stehen zwei verschiedene Vorgehensweisen zur Verfügung: Die ‘klassische’ Hybridoma-Technologie, bei der Tiere vakzinieren werden, sowie die neueren *in vitro*-Display-Technologien (synthetische Antikörper).

Für Aufsehen sorgte daher vor einiger Zeit die „EURL ECVAM Recommendation on Non-Animal-Deri-

ved Antibodies“ [2], die das Joint Research Center der EU-Kommission vorgelegt hat. Diese kommt nämlich zu dem Fazit: „Tiere sollten nicht mehr für die Entwicklung und Produktion von Antikörpern für die Forschung, für regulatorische, diagnostische und therapeutische Anwendungen verwendet werden“. Die konsequente Umsetzung der Empfehlung würde weitreichende Folgen für die Grundlagenforschung und die industrielle Forschung und Entwicklung in Deutschland und Europa haben. Genehmigungen, Finanzierungen und Publikationen zur Vakzinierung von Tieren zur Herstellung von Antigen-produzierenden Hybridomazellen würden deutlich aufwändiger, wenn nicht unmöglich. Da nicht nur die Grundlagenforschung, sondern auch die Herstellung betroffen ist, würde sich das Angebot der kommerziell erhältlichen Antikörper deutlich reduzieren – mit entsprechenden Rückwirkungen auf die Grundlagenforschung.

Die Empfehlung der EURL ECVAM hat es also in sich. Und so verwundert es nicht, dass sie grundlegende Kritik erfahren hat – so etwa in Hinblick auf Methodik und Ausgewogenheit. Aber auch Befangenheiten der Autoren wurde gemutmaßt. So unterschiedliche Akteure wie der europäische Hochschulverbund LERU [3], Fachgesellschaften wie die GV-SOLAS [4] oder die European Federation of Pharmaceutical Industries and Associations (EFPIA) und die European Animal Research Association (EARA) [5] bemängeln, dass die Vor- und Nachteile der unterschiedlichen Technologien zur Herstellung von Antikörpern nicht angemessen abgewogen wurden. Zwar bergen die *in vitro*-Display-Technologien viele Chancen und sollten vermehrt Anwendung finden, für eine komplette Umstellung auf Display-Technologien und damit für einen Verzicht auf Tierversuche sei es allerdings noch zu früh. Beide Technologien müssten noch für längere Zeit komplementär genutzt werden, um optimale Ergebnisse zu erzielen.

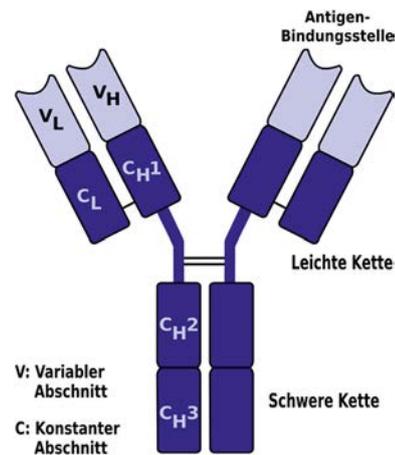
Vor diesem Hintergrund hat der Verband Biologie, Biowissenschaften und Biomedizin in Deutschland (VBIO e.V.) Ende 2020 eine Umfrage unter seinen Fachgesellschaften und deren Mitgliedern durchgeführt. Ziel war es, einen Überblick über die Forschungsgebiete und -projekte zu gewinnen, die auf die Nutzung von Antikörpern unterschiedlichen Ursprungs angewiesen sind. Dabei wurde unter anderem auch erhoben, ob und wie weit Antikörper tierischen Ursprungs im konkreten Fall durch synthetische Antikörper ersetzt werden könnten.

An der Umfrage haben sich Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler aus neun Fachgesellschaften und über 60 Lehrstühlen bzw. Arbeitsgruppen beteiligt. Die Beteiligung von Pflanzenforschern, Genetikern, Entwicklungsbiologen, Mikrobiologen, Biotechnologen, Virologen und Physiologen stellt sicher, dass alle Aspekte der Nutzung von Antikörpern berücksichtigt werden.

Die Ergebnisse zeigen, dass nahezu alle Befragten sehr besorgt und skeptisch sind. Sie sehen erhebliche wissenschaftliche Nachteile und steigende Kosten, sollte die Nutzung von Antikörpern, die primär im Tier gewonnen werden, in der EU nicht mehr oder nur unter erheblich erschwerten Bedingungen möglich sein.

Es besteht unter den Befragten ein klares Bekenntnis zu den 3-R-Prinzipien des europäischen Tierschutzrechts und damit auch eine deutliche Bereitschaft zur Nutzung synthetischer Antikörper, sofern diese in Hinblick auf Qualität, Zugänglichkeit und finanzielle Investition gleich gute Ergebnisse erzielen würden wie die Antikörper tierischen Ursprungs. Viele Arbeitsgruppen unterstreichen, dass sie je nach Fragestellung, Finanzierungsmöglichkeit und Zugänglichkeit synthetische Antikörper bereits nutzen oder mit zunehmendem Fortschritt auf diesem Gebiet zukünftig einsetzen würden.

Sollte die Empfehlung der EURL ECVAM umgesetzt werden, so fürchten viele der befragten Wissenschaft-



**ABB. 1** Antikörper sind aus Grundlagenforschung, Entwicklung, Diagnostik und Therapie nicht wegzudenken. Abb.: Tomasz „odder“ Kozłowski CC BY-SA 3.0.

lerinnen und Wissenschaftler gleichwohl negative Konsequenzen, die sich in drei wesentlichen Punkten zusammenfassen lassen:

1. Nachteile für Grundlagenforschung und wissenschaftlichen Wettbewerb
2. Nachteile für industrielle Forschung & Entwicklung und internationalen Wettbewerb
3. Erhebliche zusätzliche Forschungskosten – mit negativen Folgen für den Forschungsstandort Deutschland.

Derzeit handelt es sich bei dem EURL ECVAM-Papier um eine unverbindliche Empfehlung. Bestrebungen, diese Empfehlung auch juristisch verbindlich festzuschreiben, sind bisher nicht bekannt geworden. Dennoch warnt der VBIO davor, die EURL ECVAM-Empfehlung umzusetzen. Er erwartet vielmehr einen konstruktiven Dialog mit allen Beteiligten, wie Antikörper tierischen Ursprungs sukzessive durch synthetische Antikörper ersetzt werden könnten. Hierzu ist eine mittel- bis langfristige Perspektive notwendig. Die Umsetzung erfordert finanzielle Unterstützung der betroffenen Projekte der Grundlagenforschung und der Forschung und Entwicklung.

### Literatur

- [1] <https://www.vbio.de/themenspektrum/antikoerper>
- [2] <https://op.europa.eu/en/publication-detail/-/publication/3f74f5ea-94c1-11ea-aac4-01aa75ed71a1/language-en>
- [3] [https://www.leru.org/files/26\\_10\\_20-LERU-Animal-Antibody-Statement.pdf](https://www.leru.org/files/26_10_20-LERU-Animal-Antibody-Statement.pdf)
- [4] [http://www.gv-solas.de/fileadmin/user\\_upload/pdf\\_stellungnahme/2020-11\\_Stellungnahme\\_ECVAM\\_Antibody\\_ban.pdf](http://www.gv-solas.de/fileadmin/user_upload/pdf_stellungnahme/2020-11_Stellungnahme_ECVAM_Antibody_ban.pdf)
- [5] <https://www.efpia.eu/media/580524/eara-efpia-antibody-report.pdf>

Dr. Kerstin Elbing,  
Dr. Inge Lues,  
Prof. Dr. Gabriele  
Pfitzer  
für den AK Tier-  
versuche im VBIO

## WILDTIERBIOLOGIE

## Wettlauf gegen die Zeit: Wie das BioRescue-Team das Nördliche Breitmaulnashorn rettet

*Es gibt nur noch zwei nördliche Breitmaulnashörner auf der Welt, beide sind weiblich. Kann man diese Tiere noch vor dem Aussterben retten? Zusammen mit internationalen Partnern aus Wissenschaft, Artenschutz und Wirtschaft will das BioRescue-Konsortium durch die Entwicklung fortschrittlicher Methoden der assistierten Reproduktion (aART) und Stammzell-assoziiierter Techniken (SCAT) das scheinbar Unmögliche möglich machen.*

Derzeit sind 22 Prozent der Säugetiere vom Aussterben bedroht. Besonders betroffen ist die Familie der Nashörner (Rhinocerotidae), in welcher drei der fünf Arten (Spitzmaulnashorn, Sumatra- und Java-Nashorn) als stark gefährdet, eine als gefährdet (Panzernashorn) und eine – das Südliche Breitmaulnashorn (SWR, *Ceratotherium simum simum*) – als potenziell gefährdet eingestuft sind. Im Gegensatz dazu erklärte die Weltnaturschutzorganisation IUCN 2008 das nördliche Pendant zum SWR – das Nördliche Breitmaulnashorn (NWR, *Ceratotherium simum cottoni*, Abbildung 1) – offiziell als in freier Wildbahn ausgestorben. Der Tod des letzten männlichen NWR-Bullen Sudan am 19. März 2018 (Ab-

bildung 2) hat die breite Öffentlichkeit auf das Schicksal dieser Unterart aufmerksam gemacht und verdeutlicht auf dramatische Weise, dass die bisherigen Maßnahmen wie Habitat-schutz und klassische Schutzprogramme außerhalb des eigentlichen Lebensraums der Wildtiere nicht ausreichend sind zum Erhalt der Unterart.

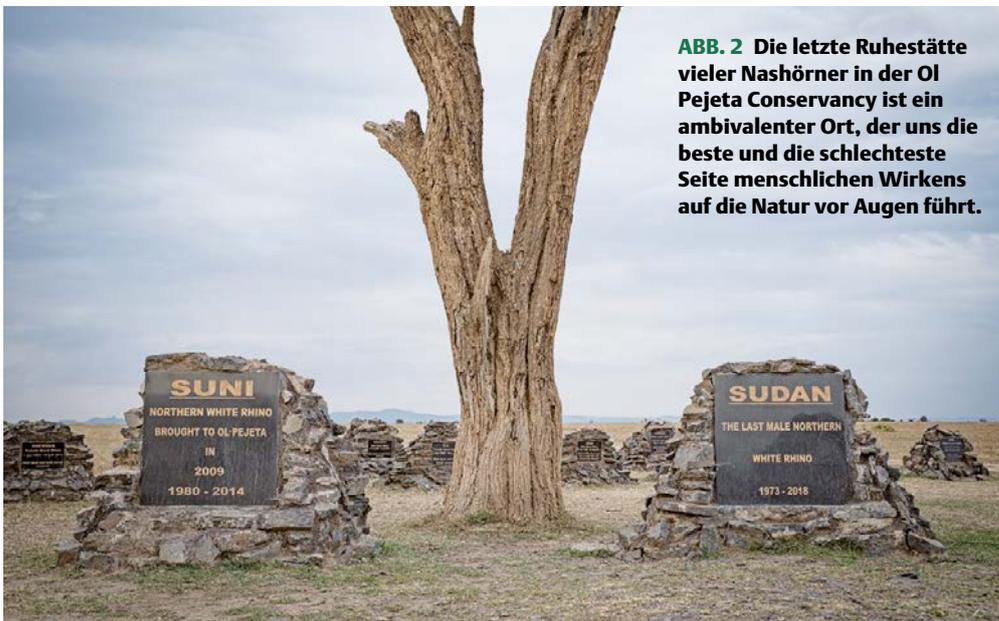
Der neue Forschungsansatz des teilweise vom Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) geförderten BioRescue-Konsortiums kombiniert fortschrittliche assistierte Reproduktionstechnologien (aART) und Stammzell-assoziierte Techniken (SCAT) und ermöglicht so den Einsatz von Biomaterial von lebenden und bereits verstorbenen Individuen.



**ABB. 1 Die vollständige Population des Nördlichen Breitmaulnashorns auf einem Bild.** Alle Fotos: Jan Zwilling (Leibniz-IZW).

Dazu verwendet das Wissenschaftsteam gefrierkonservierte Gameten und aus Gewebeproben gewonnene Fibroblastenkulturen. Letztere können in induzierte pluripotente Stammzellen (iPS) umgewandelt werden, die anschließend als Ausgangsmaterial für die *in vitro*-Produktion von Keimzellen wie Ei- und Samenzellen dienen sollen. In Zusammenarbeit mit dem Helmholtz Zentrum München konnten Forscher\*innen am Max-Delbrück-Centrum für Molekulare Medizin (MDC) bereits mehrere hochwertige Nashorn-iPS-Zellen generieren. Die Stammzellen sind danach erfolgreich in andere Zelltypen wie Herzmuskelzellen oder Nerven ausgereift. Gemeinsam mit der Kyushu-Universität in Japan konnte das MDC-Team ebenfalls erste Vorversuche zur Differenzierung von Keimbahnzellen durchführen.

Das Nördliche Breitmaulnashorn ist der ideale Vorreiter für diesen innovativen Forschungsansatz, da bereits vor Jahren von verstorbenen Individuen gefrierkonserviertes Biomaterial sichergestellt wurde. Es gibt zwölf NWR-Fibroblastenzelllinien, die acht, vermutlich nicht verwandte Tiere repräsentieren, sowie ca. 300 ml kryokonserviertes Sperm



**ABB. 2 Die letzte Ruhestätte vieler Nashörner in der Ol Pejeta Conservancy ist ein ambivalenter Ort, der uns die beste und die schlechteste Seite menschlichen Wirkens auf die Natur vor Augen führt.**

von vier verschiedenen NWR-Bullen. Dieses wertvolle Biomaterial bildet zusammen mit den beiden lebenden NWR-Weibchen Najin und Fatu als potenzielle Eizellspenderinnen die Säule der neuen Strategie. Die Herstellung gesunder Embryonen aus natürlichen (ART) und künstlichen Keimzellen aus der Zellkultur (SCAT) ermöglicht die Erhaltung des NWR-Genoms und den anschließenden Embryotransfer in SWR-Leihmütter. Die Forschung des Projekts konzentriert sich auf die Entwicklung geeigneter Technologien und Protokolle zur Rettung des NWR und bieten die Möglichkeit, eine selbsttragende, genetisch gesunde NWR-Population aufzubauen, die in die Wildnis zurückgebracht werden kann.

### BioRescue verschiebt Grenzen

Nach einer mehrmonatigen Verzögerung, die der weltweiten COVID-19-Pandemie geschuldet ist, setzte das BioRescue-Projekt sein ehrgeiziges Programm zur Rettung des Nördlichen Breitmaulnashorns fort: Am 18. August 2020 entnahm das Wissenschaftsteam in der OI Pejeta Conservancy in Kenia (Abbildung 3) zehn Eizellen von Najin und Fatu – der dritte Einsatz dieser Art. Mit Unterstützung des Kenya Wildlife Service und dem kenianischen Ministerium für Tourismus und Wildtiere bewältigte das Team des Leibniz-Institut für Zoo- und Wildtierforschung (Leibniz-IZW) und des tschechischen Safariparks Dvůr Králové die erheblichen Herausforderungen, um diese wichtige Prozedur in solch kritischen Zeiten durchzuführen. In dem italienischen Speziallabor Avantea (Abbildung 4) erfolgte die weitere Reifung der Eizellen. Die nächsten Schritte des Programms – die weitere Erzeugung und der Transfer von Embryonen – sind für Mitte 2021 geplant. „Als Wissenschaftler sind wir es gewohnt, fundamentale Herausforderungen zu bewältigen und ganz neue Lösungsansätze zu finden. Grenzen zu verschieben ist das, was

wir mit den fortgeschrittenen assistierten Reproduktionstechnologien und stammzellbezogenen Techniken in BioRescue zu erreichen versuchen. Dennoch wurden wir von den Auswirkungen der Coronavirus-Pandemie hart getroffen und mussten viele Hindernisse aus dem Weg räumen, um unsere Arbeit wieder aufnehmen zu können. Andererseits zeigt diese Zeit der Krise, wie wichtig unsere Mission ist: Wir sehen BioRescue nicht nur als ein Vorhaben mit dem einzigen Ziel an, neue Nachkommen einer einzelnen Art zu schaffen, sondern vielmehr als einen ersten Meilenstein bei der Wiederherstellung stark gestörter Lebensräume in Zentralafrika. Die Covid-19-Krise zeigt uns allen hautnah, was es bedeutet, ökologische Systeme zu stören. Die Wiedereinführung eines großen Weidetieres in diese Lebensräume wird dazu beitragen, die natürliche Widerstandsfähigkeit dieser Ökosysteme wiederherzustellen und das Risiko neuer Pandemien deutlich zu verringern“, berichtet BioRescue-Projektleiter Prof. Dr. Thomas Hildebrandt vom Leibniz-IZW.

Es ist wichtig, dass das BioRescue-Projekt das Momentum durch die erfolgreiche Erzeugung der ersten drei Embryonen im Herbst 2019 nicht verliert [1]. Der nächste Forschungseinsatz in Kenia fand Mitte Dezember 2020 statt. Dabei konnte das Konsortium zwei neue Nördliche Breitmaulnashorn-Embryos erzeugen. Solche komplexen Verfahren erfordern eine kontinuierliche Praxis, um auf allen Ebenen von der Eizellentnahme über die Befruchtung, die Embryonenkultur und die Kryokonservierung erfolgreich zu sein. Dabei ist die enge Kooperation mit dem Industriepartner Merck von zentraler Bedeutung, um im Wettlauf gegen die Zeit zu bestehen. Merck bringt seine langjährige Expertise in der Reproduktionsforschung nachhaltig mit ein und war ursprünglich von Projektkoordinator Thomas Hildebrandt um Unterstützung angefragt worden.



**ABB. 3** Dr. Stephen Ngulu ist leitender Tierarzt der OI Pejeta Conservancy und hat, wie alle in der Schutz Einrichtung, eine enge Beziehung zu den Nashornweibchen Najin und Fatu aufgebaut.

Sehr bald zeigte sich, dass das Unternehmen bei der Rettung der Breitmaulnashörner mit einer bestimmten Technologie helfen konnte. So stellte Merck nicht nur einen Inkubator zur Verfügung, sondern schickte auch ein Team, um die Labormitarbeiter\*innen an dem Inkubator zu trainieren. „Wir unterstützen hier eine Pionierarbeit“, erklärt Jan Kirsten, der bei Merck das globale Fertilitätsgeschäft leitet und in dieser Rolle auch zu dem „BioRescue“-Projekt kam.

Das BioRescue-Team muss so schnell wie möglich arbeiten, denn



**ABB. 4** Reproduktionspezialistin Silvia Colleoni von Avantea in Cremona (Italien) ist für die Befruchtung der Nashorn-Eizellen zuständig.

jede Eizelle, die nicht entnommen wird, geht physiologisch verloren. In europäischen Zoos wird hinter den Kulissen viel Arbeit geleistet, um erstmalig eine Schwangerschaft bei Südlichen Breitmaulnashörnern mittels Embryotransfer zu erreichen. Die bisher durchgeführten Embryotransfers mit SWR-Embryos helfen bei der Optimierung der Methode. Erste Erfolge zeigen sich in der anfangs erfolgreichen Implantation eines SWR-Embryos, der dann aber leider später abgestoßen wurde. Das Wissenschaftsteam plant nach dem

ersten erfolgreichen Embryotransfer Embryonen des Nördlichen Breitmaulnashorns aufzutauen und in Kenia und Europa zu transferieren. Zusätzlich zu den beiden Ansätzen zur Herstellung von Embryonen ist eine ethische Risikoanalyse als eigenes Arbeitspaket Teil des Projekts. Werden durch innovative Forschung die Grenzen des Möglichen im Artenschutz verschoben, entstehen auf der einen Seite neue, bislang nicht ausreichend evaluierte Risiken und auf der anderen Seite ethische Fragestellungen, die das Wohl von

einzelnen Individuen, den Gedeih einer ganzen Unterart sowie komplexe sozial-ökologische Fragen zusammenführen. Diese neuen Risiken und ethischen Fragen werden im „Bio-Rescue“-Projekt systematisch analysiert und diskutiert. In den Diskurs werden dabei auch relevante Stakeholder sowie die interessierte Öffentlichkeit eingebunden.

### Literatur

[1] D. Lippe, *BiuZ*, 2019, 6,396.

Steven Seet, *Leibniz-IZW, Berlin*

## ORNITHOLOGIE

### Lauschangriff auf Rabenvögel

*Krähen gelten als unheimlich schlau und äußerst intelligent und haben sich deshalb als Modelle der Kognitionsforschung längst etabliert. Die erstaunlichen Gedächtnisleistungen sind sprichwörtlich. Lange hatten viele Forscher geglaubt, dass nur Menschen ein episodisches Gedächtnis besitzen, sich also an einzelne Erlebnisse erinnern können, etwa ein schönes Abendessen mit Freunden oder aber eine Situation, die sie als bedrohlich empfunden haben. Dass Kolkkraben (*Corvus corax*) auf Alarmrufe von anderen Rabenvögeln reagieren, selbst wenn diese unbekannt sind, belegt, dass sie sich auch sehr gut interspezifisch – also über Artgrenzen hinweg – über solche „Erlebnisse“ verständigen können.*

Durch den Einsatz von Attrappen im Freiland und die Reaktion einzelner Arten darauf, lassen sich Rückschlüsse auf mögliche Beutegreifer ziehen, mit denen Singvögel – sei es unmittelbar oder indirekt – schlechte Er-

fahrungen gemacht haben (Abbildung 1). Ein tschechisch-österreichisches Forscherteam ist nun noch ein Stück weiter gegangen. In einer Art „Lauschangriff“ haben die Ornithologen Kolkkraben (*Corvus corax*) darauf hin getestet, wie sie auf Alarmrufe mehrerer Arten reagieren, die ihnen unterschiedlich gut bekannt bzw. mit denen sie unterschiedlich eng verwandt sind: Blauhäher (*Cyanocitta cristata*) und Eichelhäher (*Garrulus glandarius*) sowie Lach (*Chroicocephalus ridibundus*) und Aztekenmöwe (*Leucophaeus atricilla*). Dazu spielten sie die Alarmrufe dieser Arten freifliegenden Kolkkraben vor, während sich diese an einem Futterplatz aufhielten, und registrierten dabei nachfolgende Reaktionen: Abflug, Stillstand (Innehalten in Bewegung und Niederbü-

cken Richtung Boden) oder Wachsamkeit (visuelles Erkunden der Umgebung). Auf Eichelhäheralarm reagierten Raben mit Stillstand und Abflug, auf Blauhäheralarm mit Stillstand und Wachsamkeit und auf Alarm von Aztekenmöwen mit Wachsamkeit. Die Lachmöhnenrufe jedoch ließen die Krähen offensichtlich unbeeindruckt, jedenfalls zeigten sie keine Reaktionen. „Die Reaktionen auf beide Häherarten waren,“ wie die Autoren berichten „ähnlich wie die Reaktion auf arteigene Alarmrufe, die als Kontrolle dienten, ebenso wie die Reaktion auf Alarmrufe von Dohlen,“ wie sie aus einer Vorläuferstudie bekannt sind. Diese Ergebnisse deuten darauf hin, dass es spezielle Merkmale innerhalb der Alarmrufe von Rabenvögeln gibt, mit denen sich diese auch über Artgrenzen hinweg über potenzielle „Gefährder“ verständigen. „Die Reaktion auf die Alarmrufe der beiden amerikanischen Arten beinhaltete Wachsamkeit, was auf eine Unsicherheit in Bezug auf die Bedeutung der Rufe hinweist,“ so das abschließende Fazit der Autoren zu ihrer Freilandstudie an der Abteilung für Kognitive Biologie der Universität Wien.

### Literatur

[1] M. Davidková et al. (2020). Ravens respond to unfamiliar corvid alarm calls. *J. Orn.* 161, 967–975.

Wilhelm Irsch, *Rebblingen-Siersburg*



**ABB. 1** Mit einer Attrappe, wie hier dem Präparat eines Eichelhähers im Freiland z. B. in Nestnähe ausgebracht, lässt sich feststellen, ob Singvögel mit Vertretern dieser Art schlechte Erfahrungen gemacht haben und den Vogel deshalb als „Gefährder“ ihres Nachwuchses ansehen.

## ÖKOLOGIE

## Seltene Sandspezialisten: Steppenrüssler in Brandenburg

**Die Rüsselkäfer des Tribus Cleonini sind überwiegend groß, attraktiv gefärbt – und dennoch bestens getarnt. Viele von ihnen leben in steppenartigen Biotopen. Mehrere Gattungen aus dieser Gruppe tragen folglich die deutsche Bezeichnung „Steppenrüssler“. Sie werden selten gefunden und sind zum Teil stark gefährdet. Der Heide-Steppenrüssler (*Coniocleonus nebulosus*) wurde im August 2020 in Sielmanns Naturlandschaft Kyritz-Ruppiner Heide erstmals seit Jahrzehnten wieder in Brandenburg entdeckt. Mit dem Sand-Steppenrüssler (*Coniocleonus hollbergii*) und dem Gefleckten Langrüssler (*Cyphocleonus dealbatus*) zählen mindestens zwei weitere Cleonini sogar zu den Charakterarten der Sandheiden und Bergbaufolgelandschaften Brandenburgs.**

Der Körper der meisten Vertreter der Cleonini ist auffallend oval geformt. Ihr Rüssel ist höchstens doppelt so lang wie breit und trägt in der Mitte und an den Seiten kräftige Längskiele oder Kanten. Die Oberseite des Körpers ist mit hellen Haaren oder Schuppen bedeckt, eine Anpassung an trockene Lebensräume mit starker Sonneneinstrahlung. Hauptverbreitungsgebiet sind die Trockengebiete Mittelasiens. Die in Mitteleuropa heimischen Arten leben in trockenwarmen Habitaten mit sandigen oder kalkhaltigen Böden, und zwar an krautigen Pflanzen verschiedener Familien, vor allem an Korbblütlern (Asteraceae), Knöterichgewächsen (Polygonaceae), Gänsefußgewächsen (Chenopodiaceae), Doldenblütlern (Apiaceae) und Raublattgewächsen (Boraginaceae). Die Larven entwickeln sich in den oberen Teilen der Wurzeln, die meist zu einer Galle verdickt werden, oder fressen von außen daran. Die Verpuppung erfolgt in der Galle oder in einer Höhle im Boden. Häufig fehlen noch gesicherte Kenntnisse über Wirts- und Entwicklungspflanzen. Die 1–2 cm großen Käfer sind oft nur für wenige Wochen im Frühjahr aktiv und werden dann aufgrund ihrer Tarnung eher zufällig entdeckt, wenn sie auf dem Boden umherlaufen [1, 2].

Vom Heide-Steppenrüssler (Abbildung 1) existieren in Deutschland

fast ausschließlich historische Einzelnachweise. Am 19. August 2020 wurde ein Exemplar auf einem sandigen Weg in der Kyritz-Ruppiner Heide im nordwestlichen Brandenburg entdeckt. Es saß in praller Sonne am späten Vormittag bewegungslos am Wegrand. Die Vegetation im Umfeld des Fundes zeichnet sich durch weitläufige Bestände der Besenheide (*Calluna vulgaris*) aus, durchsetzt mit Silbergras (*Corynephorus canescens*). In den Lücken zwischen den Sträuchern blühen im April Frühlings-Spergel (*Spergula morisonii*) und Bauernsenf (*Teesdalia nudicaulis*). Der Kleine Sauer-

ampfer (*Rumex acetosella*) wächst dort ebenfalls, jedoch meist im Saumbereich der verdichteten Wege sowie auf sporadisch gepflügten Brandschutzstreifen innerhalb der Heidelandschaft.

Die Biologie von *Coniocleonus nebulosus* ist tatsächlich recht nebulös. Er lebt üblicherweise in sandigen Heiden. Die Annahme, die Larven entwickelten sich im Wurzelstock der Besenheide, wird von einigen Autoren angezweifelt. Möglicherweise lässt sich das Vorkommen der Käferart in Heide-Beständen auf das dortige Vorkommen anderer Wirtspflanzen in solchen Biotopen zurückführen [2]; der Kleine Sauerampfer käme dafür infrage. Es wird vermutet, dass die Käfer vorwiegend nachtaktiv sind und schlecht oder gar nicht fliegen können. Die Art gilt in Deutschland als vom Aussterben bedroht, in mehreren Bundesländern wie Bayern und Baden-Württemberg sogar als ausgestorben [1]. Im vorliegenden Fall ist die Entdeckung durch die intensiven Erfassungen im NaTec-Projekt (Natur und Technik in der Kyritz-Ruppiner Heide) entstanden [3], in deren Rahmen unter Federführung der Heinz Sielmann Stiftung bis Ende 2020 über 1530 Arten festge-



**ABB. 1** Ein außergewöhnlich seltener Fund: Der Heide-Steppenrüssler (*Coniocleonus nebulosus*) im August 2020 in der Kyritz-Ruppiner Heide. Foto: J. Müller.



**ABB. 2** Auf Sandboden hervorragend getarnt: Paarung des Sand-Steppenrüsslers (*Conioleonus hollbergii*) im Mai 2019 in Wanninchen. Foto: J. Müller.

stellt werden konnten, darunter 646 Insekten (240 Käfer).

### Charakterarten der Sandgebiete

Die Kyritz-Ruppiner Heide liegt auf einem ehemaligen Truppenübungsplatz (früher als „Bombodrom“ bezeichnet) und ist eine von fünf Sielmanns Naturlandschaften in Brandenburg [4]. Die rund um Berlin liegenden Sandheiden mit der historischen militärischen Nutzung [5] und die Bergbaufolgelandschaften des Braunkohletagebaus von Wanninchen [6] sind durch einen außergewöhnlichen Reichtum an Insektenarten gekennzeichnet, die an magere, trockenwarme Standorte gebunden sind [7]. Zu diesen Charakterarten zählt der Sand-Steppenrüssler (*Conioleonus hollbergii*, Abbildung 2), ein schlanker Käfer mit tiefer Mittelgrube auf dem Rüssel. Die Flügeldecken sind silbrig-grau beschuppt und haben dunkle Flecken oder zwei Querbänder. Sein Halsschild weist vorn einen Mittelkiel, hinten eine Grube auf. Er lebt in sandigen Heiden und an Rändern von Kiefernwäldern und entwickelt sich monophag an Kleinem Sauerampfer (*Rumex acetosella*). Seine Larven fressen unterirdisch von außen an den Ampferwurzeln. Er ist zerstreut von Europa bis Sibirien verbreitet und in den meisten Regionen selten. Der Käfer ist typisch für Heideflächen mit fortgeschrittener Sukzession, kommt aber auch in den



**ABB. 3** Ein Suchbild: Auf den Blütenständen von Gemeinem Beifuß (*Artemisia vulgaris*) – hier in Wanninchen im August 2019 – sind die Gefleckten Langrüssler (*Cyphocleonus dealbatus*) nur schwer zu entdecken. Foto: H. Petrischak.

ruderalen Sandrasen der Bergbaufolgelandschaft vor. Er kann normalerweise im Frühjahr, aber auch noch im Hochsommer auf sandigem Boden beobachtet werden. Die Art gilt ebenfalls als überwiegend nachtaktiv, verzeichnet in Deutschland deutliche Rückgänge und wird als gefährdet eingestuft [1].

In den Sandgebieten Brandenburgs ist auch der Gefleckte Langrüssler (*Cyphocleonus dealbatus*, Abbildungen 3 und 4) recht häufig. Kennzeichnend sind die hell-dunkel marmorierten Flügeldecken. Auf dem Halsschild und der Vorderhälfte der Flügeldecken befinden sich silberglänzende Körnchen. Sein Lebensraum sind Steppenheiden und Trockenrasen, aber auch Ruderalflächen, wenn dort seine Futterpflanzen vorkommen. Seine Larven entwickeln sich unterirdisch an Korbblütlern wie Rainfarn (*Tanacetum vulgare*), Schafgarbe (*Achillea millefolium*), Beifuß-Arten (*Artemisia*) und Geruchloser Kamille (*Tripleurospermum maritimum*). Der



**ABB. 4** Paarung in der Döberitzer Heide: Im April 2020 haben diese beiden Gefleckten Langrüssler zueinander gefunden. Foto: H. Petrischak.

Larvenfraß erfolgt am Zentralzylinder der durch das Gallwachstum verdickten Wurzel [2]. Während die Käfer im Sommer auf den Blütenständen von Beifuß oder Kamille selbst bei zahlreichem Auftreten unglaublich gut getarnt sind, lassen sie sich auf den gelben Blütenkörbchen des Rainfarns leichter finden.

### Literatur

- [1] J. Rheinheimer, M. Hassler (2013). Die Rüsselkäfer Baden-Württembergs, 2. Auflage.
- [2] L. Dieckmann (1983). Beiträge zur Insektenfauna der DDR: Coleoptera – Curculionidae (Tanymecinae, Leptopiinae, Cleoninae, Tanyrhynchinae, Cossoninae, Raymondionyminae, Bagoinae, Tansyphyrinae), Beitr. Ent., Berlin 33 (2), 257–381.
- [3] www.heather-conservation-technology.com
- [4] H. Petrischak (2019). Expedition Artenvielfalt, oekom Verlag, München.
- [5] H. Petrischak, J. Fürstenow (2018). Vielfältiges Leben in Sand und Heide, Biologie in unserer Zeit 48 (3), 180–188.
- [6] R. Donat (2018). Dynamische Entwicklung des Lebens nach der Kohle, Biologie in unserer Zeit 48 (4), 260–267.
- [7] H. Petrischak et al. (2018). Charakteristische Spinnen und Insekten der Heiden, Sandtrockenrasen und Dünen in „Sielmanns Naturlandschaften Brandenburg“. Entomologie heute 30, 67–93.

Jörg Müller, Hannes Petrischak,  
Heinz Sielmann Stiftung,  
joerg.mueller@sielmann-stiftung.de,  
hannes.petrischak@sielmann-stiftung.de

## BIOLOGIEOLYMPIADE

### Erfolg bei der IBO Challenge 2020

*Die Endrunde der Internationalen BiologieOlympiade 2020, die eigentlich mit Schülerinnen und Schülern und ihren Betreuerteams aus mehr als 75 Ländern im japanischen Nagasaki stattfinden sollte, konnte wie viele andere Veranstaltungen aufgrund der Reisebeschränkungen durch COVID-19 nicht wie geplant durchgeführt werden. Stattdessen hatten die japanischen Organisatoren eine „IBO Challenge 2020“ vorbereitet, an der das deutsche Team mit vier Medaillen und einem Champion Award erfolgreich teilnahm.*

Für die „IBO Challenge 2020“ trafen sich Schülerinnen und Schüler aus mehr als 50 Ländern, die sich jeweils in nationalen Vorausscheidungen für ihr Nationalteam qualifiziert hatten, im virtuellen Raum, um unter der Ägide der japanischen Organisatoren vier anspruchsvolle Klausuren online zu schreiben. Eine vollkommen neue Erfahrung, die viele nicht nur technische Herausforderungen bereithielt!

Der Schwerpunkt der ersten beiden Klausuren lag auf den Themen Tierphysiologie und Bioinformatik. In zwei weiteren theoretischen Klausuren bearbeiteten die Schülerinnen und Schüler dann Fragen aus einem großen Spektrum der Biologie, das von Molekularbiologie und Pflanzenphysiologie über Ökologie bis hin zu Fragen zur Evolution reichte. Die Klausurfragen waren vom japanischen Wissenschaftsteam sehr gut ausgearbeitet. Darüber hinaus hatte eine internationale Jury unter deutscher Beteiligung die Aufgaben im Vorfeld kommentiert und gegebenenfalls auch korrigiert. Die anspruchsvollen Klausuren wurden direkt vor der Challenge vom deutschen Juryteam, das per Videokonferenz aus verschiedenen Orten in Deutschland, Malta und Singapur zusammengeschaltet war, aus dem Englischen ins Deutsche übersetzt. Dabei konnten gleichzeitig letzte Rückfragen zu den Klausuren an die wissenschaftliche Leitung in Japan kommuniziert werden. An zwei Tagen bearbeiteten dann die Schülerinnen und Schüler die Klausuren unter stren-

gen Sicherheitsvorkehrungen und Aufsicht in den Schulen bzw. Schülerlaboren an ihren Heimatorten. Dabei stellte die Bioinformatikklausur eine besondere Herausforderung dar, da die Teilnehmenden auf Server zur Bearbeitung zugreifen mussten, die der jeweiligen Landeszeitzone zugeteilt waren. Eine schulinterne Firewall erwies sich dabei als fast unüberwindbares Hindernis; nur mit viel technischem Knowhow konnte die Klausur trotzdem erfolgreich bewältigt werden. Am Ende der durch intensive Arbeit geprägten Klausurtag war es dann ein ungewöhnliches Gefühl für Teilnehmende und Betreuer, nicht zusammen den Abschluss der Klausuren feiern zu können, sondern sich nur „im stillen Kämmerlein“ erleichtert zu freuen.

Das deutsche Team erreichte mit Gold für Fynn Kessels (17, Carl-Zeiss-Gymnasium Jena), Silber für Damian Groß (18, Werner-von-Siemens-Gymnasium Magdeburg) und zweimal Bronze für Ilka Jaschinski (18, Martin-Andersen-Nexö-Gymnasium Dresden) und David Sauer (16, Life Science Lab Heidelberg) ein großartiges Ergebnis und konnte damit ungeachtet der ungewöhnlichen Umstände nahtlos an die Erfolge der letzten Jahre anknüpfen (Abbildung 1). Besonders hervorzuheben ist Fynn Kessels, der neben einer Goldmedaille auch noch den Special Award „The Champions of Hard Questions (Theoretical 1 & 2)“ zusammen mit zwei taiwanesischen Schülern erhielt. Mit diesem Ergebnis landet das deutsche National-



**ABB. 1** Einmal jeweils Gold und Silber und zweimal Bronze – das war die Ausbeute des deutschen Teams bei der IBO Challenge 2020!

team einmal mehr unter den Top Ten der mehr als 50 teilnehmenden Länder.

Besonderer Dank gilt dem deutschen Juryteam, dem neben PD Dr. Burkhard Schroeter (Kiel) als Country Coordinator, Dr. Dennis Kappel (Singapur), Dr. Christiane Mühle (Erlangen), Dr. Toni Goßmann (Bielefeld), Cedric Cappel (Kiel), Patricia Scholz (Göttingen), Jan Krieghoff (Leipzig) und Arne Jahn (Dresden) angehörten und ohne deren großartige Unterstützung beim vorbereitenden Training und der Challenge selbst dieser Erfolg nicht möglich gewesen wäre. Darüber hinaus geht ein herzliches Dankeschön an den Förderverein der IBO Deutschland und an die Betreuerinnen und Betreuer während der Klausuren vor Ort in Dresden, Jena, Magdeburg und Heidelberg. Wir freuen uns auf ein Wiedersehen zur 32. Internationalen BiologieOlympiade in Portugal im Jahr 2021!

Der Auswahlwettbewerb zur Internationalen BiologieOlympiade wird vom Leibniz-Institut für die Pädagogik der Naturwissenschaften und Mathematik (IPN) im Auftrag des BMBF organisiert und durchgeführt. In der ersten Auswahlrunde nehmen ca. 1500 Schülerinnen und Schüler aus allen Bundesländern teil. Kontakt zur Wettbewerbsleitung der BiologieOlympiade in Deutschland unter [schroeter@leibniz-ipn.de](mailto:schroeter@leibniz-ipn.de).

*Burkhard Schroeter,  
IPN - Leibniz-Institut für die Pädagogik der Naturwissenschaften und  
Mathematik, Kiel*

## AUSWAHLWETTBEWERB ZUR IBO 2021 IM ENDSPURT

Aus ursprünglich 1500 Teilnehmenden aus allen 16 Bundesländern hatten sich in zwei Auswahlrunden 45 Schülerinnen und Schüler für die 3. Auswahlrunde qualifiziert, die in diesem Jahr pandemiebedingt online stattfinden musste. Eine Woche lang standen Trainingseinheiten und Crash-Kurse, Abendvorträge und Klausuren auf dem Programm. Dafür waren 45 Materialpakete an die Heimatadresse der Teilnehmenden verschickt worden. Daneben war ein stabiler Internetzugang eine wichtige Voraussetzung für die erfolgreiche Teilnahme. In vier praktischen Klausuren wurden die experimentellen Fähigkeiten in Botanik, Zoologie, Stoffwechselphysiologie und die Leistungen in Bioinformatik abgeprüft. Die Klausuren in Zoologie und Botanik konnten ohne Schulbesuch zu Hause durchgeführt werden. Einzig die Stoffwechselphysiologie-Klausur erforderte aufgrund der Experimente die Arbeit im Schullabor unter Einhaltung aller Sicherheitsvorschriften. Zum Glück war den Teilnehmenden der Zugang zum Schullabor unter den geltenden Hygienevorschriften möglich. Darüber hinaus wurde in einer anspruchsvollen 4,5-stündigen Theorieklausur ein breites Spektrum an Teilgebieten der Biologie abgedeckt.

Aber auch der Austausch unter den Teilnehmenden kam im Online-Format nicht zu kurz: Abends standen Videokonferenzräume zum ungezwungenen Austausch zur Verfügung und im Freizeitprogramm konnte man in kleinen Gruppen seine Knobelfähigkeiten in einem digitalen Escape-Room beweisen. Ergänzt wurde das anspruchsvolle Programm durch Abendvorträge, für die renommierte Referenten wie Prof. Patrick Cramer (MPI-SCI) und auch ehemalige Teilnehmer der BiologieOlympiade einen Einblick in ihre Forschungsprojekte gaben.

Abschluss und Höhepunkt der arbeitsintensiven Woche war am letzten Tag der Festakt zur Preisverleihung. Hier bot das digitale Format ungewohnte Vorteile: So wurde Prof. Dennis Kappei



vom Cancer Science Institute (CSI) Singapur für den spannenden Festvortrag zugeschaltet, und Gäste aus nah und fern sowie ein Biologie-Leistungskurs konnten dabei sein. Neben den Urkunden gab es für die Teilnehmenden auch Büchergutscheine und – vom Förderverein BiologieOlympiade e. V. und VBIO unterstützt – Sachpreise sowie Praktikumsteilnahmen zu gewinnen.

Die besten 12 Schülerinnen und Schüler werden in der finalen Auswahlrunde Ende Mai den Wettkampf um die vier Plätze für das deutsche Nationalteam zur Internationalen BiologieOlympiade unter sich austragen, die im Juli vom Gastgeberland Portugal organisiert wird.



ABB. 1 Achtlos weggeworfene Lebensmittel.

## NACHHALTIGKEIT

### „Mobiles“ Tortendiagramm zur Ressourcenver(sch)wendung

Gerade im Bildungsbereich ist es wichtig, Fakten anschaulich optisch aufzubereiten. Das leicht herzustellende bewegliche Modell eines Tortendiagramms kann für die Darstellung der verschiedensten Themenbereiche eingesetzt werden.

Bilder wie dieses (Abbildung 1) sind leider an der „Tagesordnung“, wenn man in öffentliche Abfallbehälter schaut. Aus diesem Grunde wurde als Beispiel für die Erstellung eines mobilen Tortendiagrammmodells das Thema „Lebensmittelverschwendung“ gewählt. Zu diesem Thema gibt es auch recht häufig aktuelle

Daten sowie umfangreiches Informationsmaterial vom Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL, [https://www.bmel.de/DE/themen/ernaehrung/ernaehrung\\_node.html](https://www.bmel.de/DE/themen/ernaehrung/ernaehrung_node.html)). Als weitere derzeit viel diskutierte und medienpräzente Themen kommen Statistiken etwa zur Coronapandemie, zur CO<sub>2</sub>-Be-



**ABB. 2** Das selbst gebastelte mobile Tortendiagramm.

- ggf. Klebeband zum Abkleben („Glätten“) der Kanten
- eine Packung Gummiringe
- kleine „Post-it“-Zettel zur Beschriftung der Segmente, alternativ Eintrag mit einem wasserlöslichen Folienstift

Linksbündig wird ein Kreis von 34 cm Durchmesser abgetragen, anschließend schlägt man 64 Nägel im Abstand von 2 cm ein. Dabei entspricht ein Segment zwischen je zwei Nägeln ca. 1,56 Prozent der Fläche. So lässt sich ziemlich genau ein Feld markieren, das dem jeweiligen Anteil auf dem Originaldiagramm entspricht. Die so ermittelten Bereiche werden mit je einem Gummiring umspannt, so dass eine Art Fadengrafik entsteht (Abbildung 2). Zusätzlich werden die Daten auf einem „Post-it-Zettel“ notiert und diese in die Kreisausschnitte geklebt (alternativ Eintrag mit einem wasserlöslichen Folienstift). Das Originaldiagramm (Abbildung 3) befestigt man zum Abgleich und als Arbeitserleichterung oben rechts auf der Holzplatte.

lastung, aber auch regelmäßig statistische Erfassungen wie Energieverbrauch, Haushaltseinkommen, Wahlergebnisse etc. in Frage. Von daher ist das Modell nicht themengebunden und kann sowohl auf (natur-)wissenschaftliche, wirtschaftliche, politische, soziale als auch medizinische grafische Darstellungen übertragen werden. Dabei spielt es keine Rolle, ob diese als bereits vorgefer-

tigte Tortendiagrammdarstellung vorliegen, als Blockdiagramm oder als konkrete Zahlen. In jedem Falle ist es möglich, die Daten in Prozentangaben umzurechnen und als Kreisdarstellung umzusetzen.

Für den Einsatz im Bildungsbereich bietet die eigenständige Umrechnung in Prozentwerte eine zusätzliche Aufgabe bzw. Herausforderung mit allgemeinbildendem Charakter, ebenso das Auffinden von geeigneten Vorlagen im Inter-

net (Medienkompetenz). In diesem Kontext sollte auch eine Modellkritik bzw. Fehlerbetrachtung erfolgen: „Was kann das Tortendiagramm wirklich aussagen, wo liegen seine Grenzen, wo sind Fehlerquellen und/oder führt die Umsetzung zu Ungenauigkeiten?“

**Herstellung**

- 50 x 50 cm große Holzplatte mit möglichst weißer Oberfläche, im Idealfall Restmaterial aus dem Baumarkt
- 65 (Stahl-)Nägel
- wasserfester Folienstift



**ABB. 3** Das später im Tortendiagramm umgesetzte Diagramm zum Thema „Was werfen wir weg?“  
Quelle: <https://www.zugutfuerdietonne.de/hintergrund/>

**Modellkritik**

Das Modell ist mit nur einmalig etwas umfangreichem Materialaufwand wieder verwendbar, also letztendlich ressourcenschonend hergestellt, gut auch in einer größeren Arbeitsgruppe sichtbar und kann nach entsprechender Umrechnung für verschiedene Formen statistischer Darstellung verwendet werden.

Fehler liegen im Detail, denn die durch die abgesteckten Kreisausschnitte wiedergegebenen Daten entsprechen mathematisch nicht genau denen des Originals. Bei der Fadengrafik-Darstellungsmethode ist der eindeutig erkennbare Trend entscheidend. Das entspricht auch generellen Vorgaben wissenschaftlichen Arbeitens, denn Werte als „absolut“ ohne den entsprechenden Kontext und ohne eine Fehleranalyse zu bewerten ist ein „No Go“.

*Christiane Högermann, Osnabrück*



© Lorelyn Medina – FOTOLIA

## DIE LABORSEITE

## Monte-Carlo-Simulationen helfen molekulare Mechanismen zu verstehen

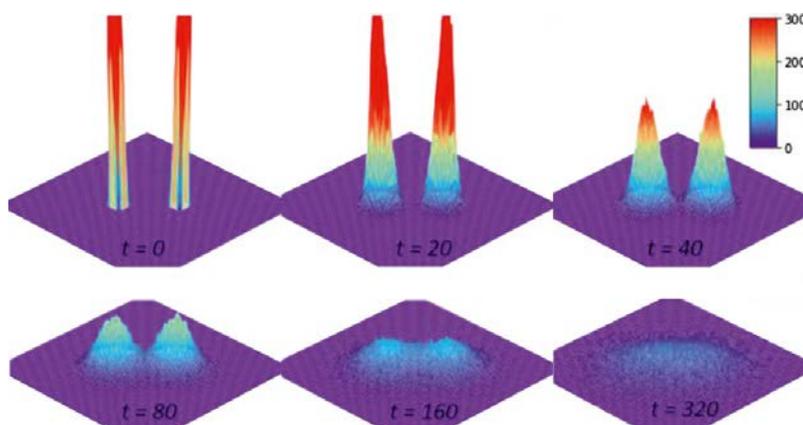
**Das beliebte Brettspiel „Mensch ärgere dich nicht“ ist im Grunde eine Monte-Carlo-Simulation. Diese Simulationen basieren im Allgemeinen auf einer Vielzahl von Wiederholungen zufälliger Ereignisse. In dem berühmten Brettspiel wird immer wieder mit derselben Wahrscheinlichkeit über das Ereignis entschieden, wie viele Felder die Figur vorrücken darf. Doch wie kann „Mensch ärgere dich nicht“ Wissenschaftler\*innen dabei helfen, biologische Prozesse zu verstehen?**

Ein grundlegender Prozess, welcher in biologischen Systemen eigentlich immer eine Rolle spielt, ist die Diffusion von Partikeln wie Molekülen und Ionen. Diese basiert auf der Brown'schen Molekularbewegung. Dabei handelt es sich um eine wärmeinduzierte, zufällige Bewegung kleiner Teilchen: Jede Bewegungsrichtung der Partikel ist gleich wahrscheinlich (*random walk*). Man kann sich dies stark vereinfacht so vorstellen, dass ein Stoff beispielsweise sechs Möglichkeiten hat, sich zu bewegen (rechts/links, vorne/hinten, oben/unten) und ein Würfel darüber entscheidet, welche Richtung im nächsten Schritt eingeschlagen wird. Wenn sehr viele Teilchen an einem System beteiligt sind, ist es unmöglich, die Bewegungen aller zu verfolgen. Man kann jedoch Computer benutzen, um die Bewegung vieler Teilchen

gleichzeitig über einen langen Zeitraum zu simulieren. Hinterher wird das Simulationsergebnis mit den experimentellen Ergebnissen verglichen. In Abbildung 1 sind zu Beginn je 50 000 Partikel zweier Stoffe jeweils auf einen kleinen Punkt konzentriert. Diese führen je Zeiteinheit einen willkürlichen Schritt aus. So wird ersichtlich, wie die Stoffe mit der Zeit diffundieren und sich aufgrund ihrer willkürlichen Bewegung vermischen und verteilen. Diffusion ist die Grundlage vieler Prozesse und spielt zum Beispiel in Reaktionsdiffusionssystemen, welche für die Muster von Tieren wie Muscheln, Giraffen und Leoparden verantwortlich sind, eine große Rolle [1].

### Analyse von Makromolekülen

Eine weitere Anwendung finden Monte-Carlo-Simulationen in der



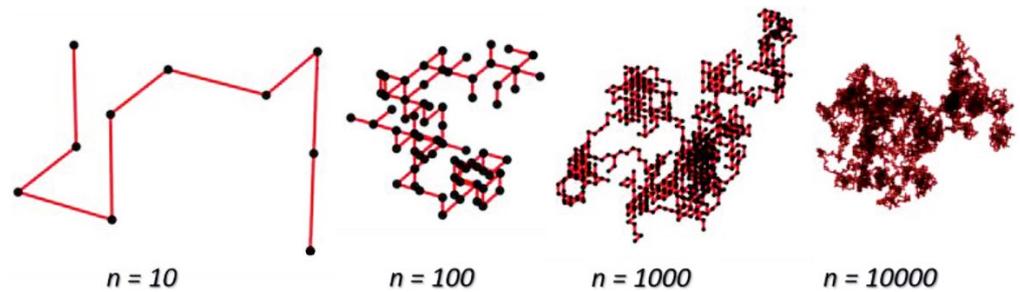
**ABB. 1** Simulation zur Diffusion zweier Stoffgruppen über die Zeit  $t$ . Die Höhe und Farbe gibt die Anzahl der Partikel pro Stelle an. Zum Zeitpunkt  $t = 0$  sind jeweils 50 000 Partikel an einem Ort konzentriert. Nach 320 Bewegungsschritten jedes einzelnen Partikels liegen die Stoffe vermischt und verteilt vor.

Untersuchung von Makromolekülen wie DNA und Proteinen. Für die biologische Funktion der Proteine ist es beispielsweise essenziell, wie sie gefaltet werden (Sekundär-, Tertiär-, Quartärstruktur). Monte-Carlo-Simulationen können dabei helfen, diesen Prozess zu verstehen. Auch hier spielen *random walks* eine große Rolle. Im Gegensatz zur Diffusion wird nicht die Bewegung der Teilchen im Raum betrachtet, sondern das Wachstum der einzelnen Bausteine zu einem Bio-Polymer. Der Schlüssel liegt auch hier darin, dass viele Wiederholungen der Experimente Konfigurationen im Energieminimum aufzeigen können. Ein einfaches Beispiel stellt die Simulation der Kompaktheit einer Molekülkette dar. Dafür werden viele *random walks* einer Kette simuliert. Für jeden Schritt wird ein Monomer in eine der sechs Richtungen angefügt. Anschließend wird der Abstand zwischen dem ersten und letzten Baustein bestimmt. Nach vielen tausend Wiederholungen, die der Computer in wenigen Sekunden durchführt, kann bestimmt werden, wie groß solche Ketten im Durchschnitt sind. Monte-Carlo-Simulationen können auch dabei helfen, die Faltung künstlich designter Proteine vorherzusagen. Solche Prozesse können beispielsweise für die Entwicklung von Medikamenten eine große Rolle spielen. In Abbildung 2 sind *random walks* aus jeweils  $n$  Bausteinen gezeigt, welche Polymerketten darstellen. *Random walks* können nicht nur im Ortsraum, sondern auch im Energie-raum simuliert werden, wodurch sich Aufschlüsse über die Faltung von der ungeordneten *random coil* zur geordneten  $\alpha$ -Helix- oder  $\beta$ -Faltblatt-Sekundärstruktur ergeben [2].

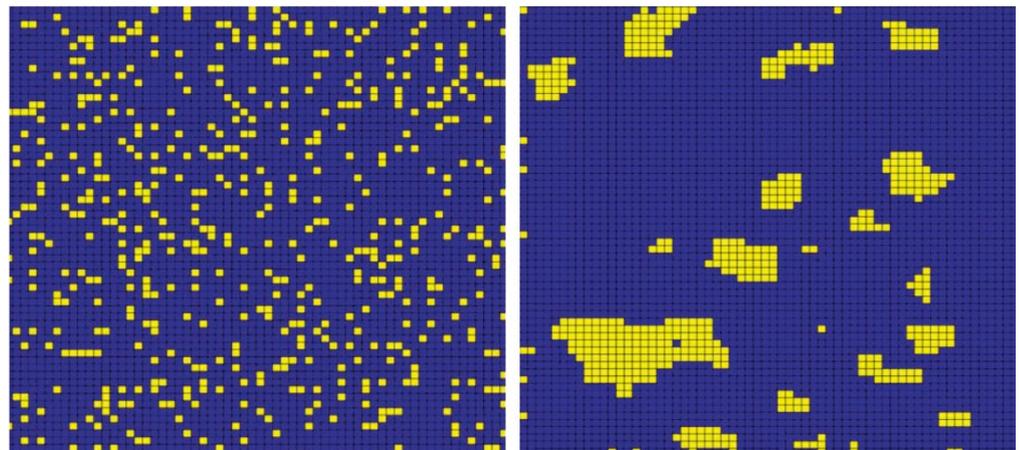
### Simulation von Clusterbildung

Ein weiteres häufig beobachtetes Phänomen in biologischen Systemen ist die Bildung von „Clustern“, also der Zusammenlagerung von

Stoffen. Ein Beispiel für solche biologischen Cluster sind die sogenannten *lipid rafts*, „Flöße“ auf der Zellmembran, welche eine andere Protein-Lipid-Zusammensetzung als der Rest der Membran aufweisen. Die Funktion der Flöße ist nicht vollständig geklärt, es wird jedoch vermutet, dass sie eine Rolle in der Signaltransduktion spielen. Mit Hilfe von Monte-Carlo-Algorithmen gelingt es, Clusterbildungen in Abhängigkeit verschiedener Parameter zu simulieren. Die Forscher können damit beispielsweise Informationen über die Interaktionsenergie nächster Nachbarn gewinnen, also Aussagen darüber treffen, unter welchen Umständen es zur Clusterbildung kommen kann. Dazu werden die Cluster zunächst vermessen und die Größen anschließend mit den simulierten Bildern verglichen. Da die Simulationen von verschiedenen Parametern wie der Interaktionsenergie und der Temperatur abhängen, kann darüber bestimmt werden, welche Anziehungskräfte zwischen den Proteinen und Lipiden der *lipid rafts* herrschen. In Abbildung 3 ist eine Zellmembran simuliert. Die gelben Felder stellen dabei die Bestandteile der *lipid rafts* dar, während die blauen Felder die restlichen Membranproteine und Lipide symbolisieren. Die linke Hälfte zeigt die zufällige Verteilung der *raft*-Bestandteile. Im rechten Bild wurden 20000 Wiederholungen des Monte-Carlo-Metropolis-Algorithmus durchlaufen. Dabei vergleicht der Computer die von den Parametern abhängige energetische Lage eines zufällig ausgewählten Membranteilchens mit der eines zufällig ausgewählten anderen. Wenn ein Tausch der Plätze eine Energieminimierung zur Folge hat, wird der Tausch durchgeführt. Wenn keine Energieminimierung stattfindet, kommt der Tausch nur mit einer von der Temperatur und der Interaktionsenergie abhängigen Wahrscheinlichkeit zustande. Über einen Vergleich der simulierten



**ABB. 2** Durch einen *random walk* in drei Dimensionen simulierte Polymere aus  $n$  Monomeren.



**ABB. 3** Simulation von Clusterbildung. Links die zufällige Verteilung gelber und blauer Moleküle. Rechts die Situation nach 20000 Iterationen mit attraktiven Interaktionen zwischen den gelben Molekülen.

Bilder mit den *lipid rafts* können somit Rückschlüsse auf die Mechanismen der Clusterbildung gezogen werden.

Computersimulationen können Wissenschaftler\*innen dabei helfen, biologische Prozesse besser zu verstehen und vorherzusagen. Die hier gezeigten Anwendungen sind nur ein kleiner Ausschnitt aus einer Fülle von Anwendungsmöglichkeiten. Dass es für Biologen sinnvoll ist, eine Programmiersprache zu lernen, hat C. Rauch bereits anhand von Python erläutert [3].

#### GUT ZU WISSEN

Einen ausführlichen Übersichtsartikel über Monte-Carlo-Simulationen in der Biologie finden Sie unter [4].

#### Literatur

- [1] N. Kubetschek (2020). Biologische Musterbildung und ihre Simulation mit der Programmiersprache Python. *Biol. Unserer Zeit* 50/2: 94-95. <https://doi.org/10.1002/biuz.202070210>
- [2] N. Rathore, J. J. de Pablo (2002). Monte Carlo simulation of proteins through a random walk in energy space. *The Journal of Chemical Physics*, 116, 7225–7230. <https://doi.org/10.1063/1.1463059>
- [3] C. Rauch (2019). Kann das nicht der Computer machen? Warum Biologen die Programmiersprache Python lernen sollten. *Biol. Unserer Zeit* 49/1, 20–21. <https://doi.org/10.1002/biuz.201970110>
- [4] S. Raychaudhuri (2013). Kinetic Monte Carlo simulation in Biophysics and Systems Biology. In: *Theory and Applications of Monte Carlo Simulations*, 227–260. <https://doi.org/10.5772/53709>

Nico Kubetschek, Bachelorstudent Nanostrukturwissenschaften an der Universität Kassel, Mitglied bei Science Bridge e.V.



**ABB. 1** Arten-, Formen- und Größenvielfalt berlin-brandenburgischer Diatomeen des Süßwassers im Lichtmikroskop.

## Biodiversität und Sauerstoffproduktion in einer Glasschachtel

# Kieselalgen – winzig, aber wichtig

JONAS ZIMMERMANN | NÉLIDA ABARCA | WOLF-HENNING KUSBER | OLIVER SKIBBE | REGINE JAHN

*Kieselalgen (auch Diatomeen genannt, wissenschaftlich Bacillariophyta) sind mikroskopisch kleine eukaryotische Einzeller. Sie kommen in großer Zahl im Plankton sowie im Benthos aller marinen und limnischen Gewässer, aber auch aeroterrestrisch vor. Sie sind wichtige Primärproduzenten und erzeugen 25 Prozent des weltweiten Sauerstoffs. Innerhalb der Algen sind sie die artenreichste Gruppe (Abbildung 1) mit einer Diversität von geschätzt einer Viertelmillion Arten, von denen zurzeit nur zirka 10 Prozent bekannt und beschrieben sind. Ihr markantestes und namensgebendes Merkmal ist eine Zellwand aus Kieselsäure, die die einzelne Zelle wie eine Kiste mit Deckel umschließt und eine große Formenvielfalt mit vielen Details im Nanobereich zeigt. Auch die Evolution ihrer Stoffwechselwege und Plastiden weist spezifische Besonderheiten auf.*

Sind Sie schon einmal in einem Gewässer auf Steinen mit einem olivgrünem Belag (Abbildung 2) ausgerutscht? Dann haben Sie bereits die Bekanntschaft mit Kieselalgen gemacht. Kieselalgen waren bereits zu Beginn des 18. Jahrhunderts mit Hilfe simpler Mikroskope sichtbar [1]. Die erste bekannte Abbildung einer Kieselalge ist in einem Brief aus dem Jahr 1703 an die Londoner Royal Society zu finden, die erste wissenschaftliche Beschreibung einer Kieselalgenart aus dem Kopenhagener Hafen fand aber erst gegen Ende des 18. Jahrhunderts durch den Naturforscher O. F. Müller statt: *Bacillaria paxillifera* – eine Art, deren Kolonien zu spektakulären Formveränderungen fähig sind (Abbildung 3, im Video zu sehen unter: [https://www.europeana.eu/en/item/11627/ALGATERRA\\_BGBM\\_GERMANY\\_12](https://www.europeana.eu/en/item/11627/ALGATERRA_BGBM_GERMANY_12)) – wurde später zum wissenschaftlichen Namensgeber aller Kieselalgen. Bory de St.-Vincent beschrieb 1824 die unbewegliche Kieselalpengattung *Diatoma* und prägte damit den Trivialnamen Diatomeen. Für O. F. Müller gehörten die Kieselalgen zu den „Animalcula infusoria“, die von C. G. Ehrenberg, einem frühen

Pionier der systematischen Kieselalgenforschung sowie Begründer der Mikropaläontologie, ab den 1830er Jahren als „Infusionsthierchen“ bezeichnet wurden. Zu diesem Zeitpunkt wurden alle beweglichen Mikroorganismen von vornherein als Tiere klassifiziert. 1844 veröffentlichte F. T. Kützing eine Monografie über „kieselschalige Bacillarien“. Darin behandelte er Kieselalgen als Algen und stellte sie damit zu den Pflanzen.

In der zweiten Hälfte des 19. Jahrhunderts war das Mikroskopieren von Kieselalgen bei wohlhabenden Bürger\*innen sehr beliebt. Die Ästhetik dieser Organismengruppe wurde vor allem durch die Bildtafeln von Ernst Haeckel und die kunstvollen Salon-Legepräparate J. D. Möllers populär gemacht (Abbildung 4). Die eigentlich glasklaren Kieselschalen erstrahlen unter Dunkelfeldbeleuchtung vor dunklem Hintergrund. Durch Lichtinterferenz an den feinen Strukturen leuchten sie dabei in schillernden Farben. Auch Charles Darwin war 1866 von der Schönheit der Kieselalgen beeindruckt und widmete ihnen einige Zeilen in seinem bahnbrechenden Werk *On the Origin of Species*: „Few objects are more beautiful than the minute siliceous cases of the diatomaceæ: were these created that they might be examined and admired under the higher powers of the microscope? The beauty in this latter case, and in many others, is apparently wholly due to symmetry of growth“.

### Morphologische Vielfalt der Kieselschalen

Die durchsichtigen Gehäuse der Kieselalgen bestehen im Wesentlichen aus zwei Teilen, einer Oberschale (► Epitheka) und einer Unterschale (► Hypotheka), die wie der Deckel und der Bodenteil einer Schachtel ineinander gesteckt sind (Abbildung 5a). Aufgrund dieser Zweiteiligkeit werden Kieselalgen auch als Diatomeen bezeichnet (altgriechisch *diätomos/διότομος* „zerschneidbar, trennbar“; *diá* „auseinander, durch“ *témnō* „schneiden“). Zwischen den beiden auch als ► Valven bezeichneten Schalen, die in ihrer Gesamtheit die ► Frustel darstellen, befinden sich noch als verbindende Elemente sogenannte ► Gürtelbänder, deren Aufgabe darin besteht, die beiden Valven auf flexible Weise zusammenzuhalten (Abbildung 5b). Die Form der Kieselschalen ist innerhalb der verschiedenen Kieselalgengruppen äußerst vielfältig: rund, flach, zylinderförmig, lang, einseitig oder beidseitig zugespitzt, gewölbt, gedreht (Abbildung 1). Auf und in den Schalen finden sich oft komplizierte Strukturen wie Rippen und Fortsätze. Außerdem gibt es Durchbrüche in der glasartigen, komplex aufgebauten Schale, die aus hydratisierter Kieselsäure ( $\text{SiO}_2 \cdot n\text{H}_2\text{O}$ ) und organischen Komponenten besteht. Planktonbewohner sind eher filigran gebaut und haben oft lange Schwebefortsätze (Abbildung 6). Viele benthische Kieselalgen haben lange, schlitzförmige Schalendurchbrüche, die als Raphen bezeichnet werden. Sie ermöglichen den Zellen die gleitende Fortbewegung auf dem Substrat. Außerdem gibt es komplex angeordnete Reihen punktförmiger Schalendurchbrüche, die Poren oder Areolae



ABB. 2 Diatomeen bilden Biofilme z. B. auf Steinen.

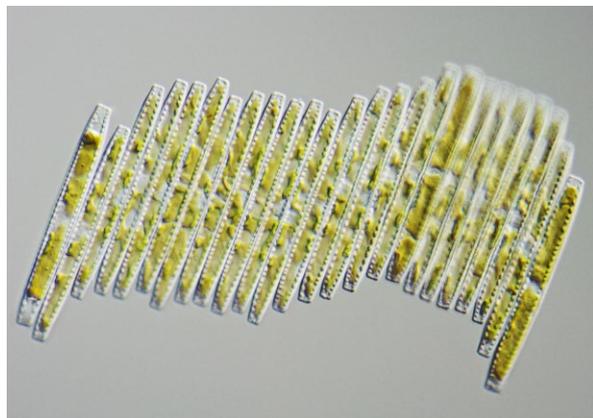


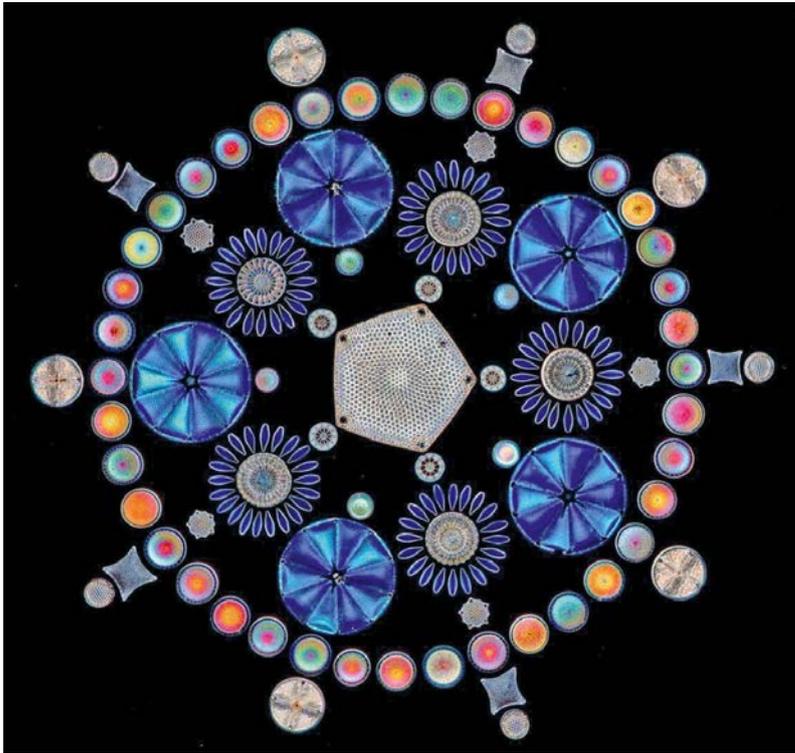
ABB. 3 Die erste wissenschaftlich beschriebene Kieselalge: *Bacillaria paxillifera* im Lichtmikroskop.

genannt werden. Unter dem Elektronenmikroskop ist erkennbar, dass diese Poren keine simplen Löcher sind, sondern siebartige Nanostrukturen enthalten (Abbildung 7a, b). Ähnliche Strukturen gibt es auch in den Gürtelbändern. Vermutlich dienen sie dem metabolischen Stoffaustausch und werden auch zur Ausscheidung von schleim- oder gallertartigen Substanzen eingesetzt.

### IN KÜRZE

- Kieselalgen (wissenschaftlich Bacillariophyta, auch Diatomeen genannt) sind mikroskopisch kleine **eukaryotische Einzeller**.
- Sie sind wichtige Primärproduzenten, die **25 Prozent des weltweiten Sauerstoffs** generieren, und leben im Plankton sowie im Benthos aller marinen und limnischen Gewässer, aber auch in Böden.
- Ihre Morphologie ist sehr vielfältig und insbesondere durch die namensgebende **Zellhülle aus Kieselsäure** geprägt.
- Die Evolution ihrer Plastiden und auch ihrer Stoffwechselwege ist in ihrer Kombination **einzigartig innerhalb der Eukaryoten**.
- Kieselalgen sind die **artenreichste Gruppe innerhalb der Algen**, weltweit kann die Artendiversität nur geschätzt werden (zwischen 25.000 bis 250.000 Arten).
- Aufgrund ihrer großen Diversität, Individuendichte und ihrer artspezifischen Präferenz für Gewässertypen sind sie **ideale Bioindikatoren für Gewässergüte**.

Die mit einem grünen Pfeil markierten Begriffe werden im Glossar auf Seite 140 erklärt.

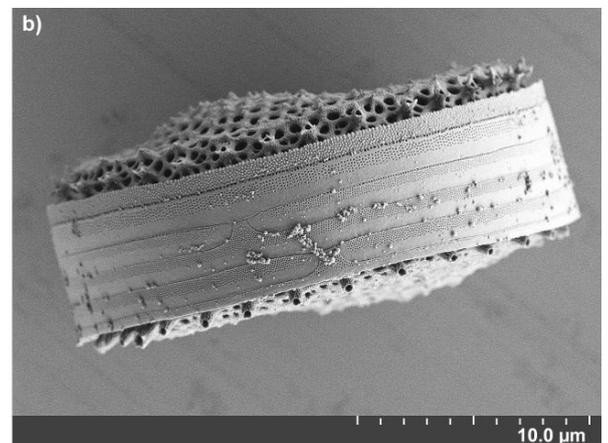
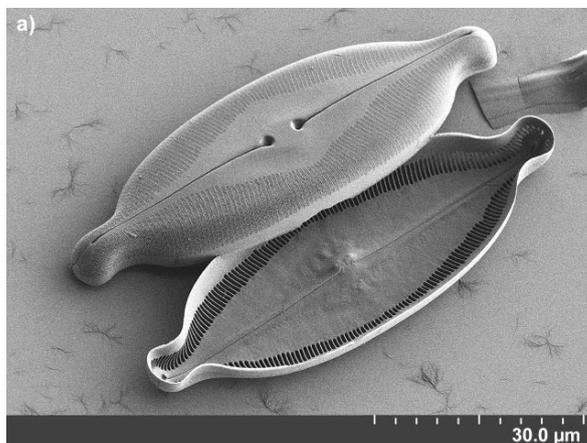


**ABB. 4** Schalenpräparat gelegt von J. D. Möller, dargestellt im Dunkel-feld-Lichtmikroskop. Foto: Matthias Burba (Hamburg).

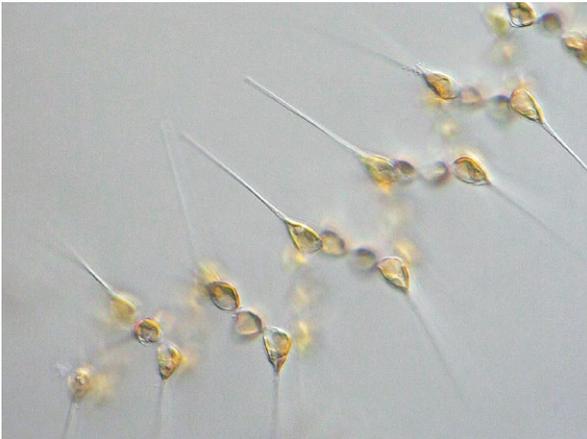
Immer wenn sich Kieselalgen vermehren, müssen sie im Inneren der umschlossenen Zelle zwei neue Kiesel-schalen bilden; im Laufe der Generationen werden die Schalen immer kleiner. Deshalb ist von Zeit zu Zeit ein Ausgleich nötig: Neue Schalen in maximaler Größe müssen angelegt werden. Das passiert meist im Rahmen der sexuellen Fortpflanzung durch Bildung einer sogenannten ► Auxospore. Manche Arten sind auch in der Lage, Auxosporen unabhängig von der sexuellen Fortpflanzung zu produzieren (Abbildung 8). Kieselalgen besitzen grünlich-braune Plastiden (Abbildung 9), in denen Carotinoidpig-

mente (z. B.  $\beta$ -Carotin, Diatoxanthin, Diadinoxanthin und Fucoxanthin) die grüne Farbe der Chlorophylle überlagern. Im Gegensatz zu den Chloroplasten der Landpflanzen und Grünalgen, die neben Chlorophyll *a* auch Chlorophyll *b* besitzen, haben die Plastiden der Kieselalgen eine Kombination von Chlorophyll *a* und *c*. Die Anzahl und Form der Plastiden variiert stark zwischen den Verwandtschaftskreisen (Abbildung 1).

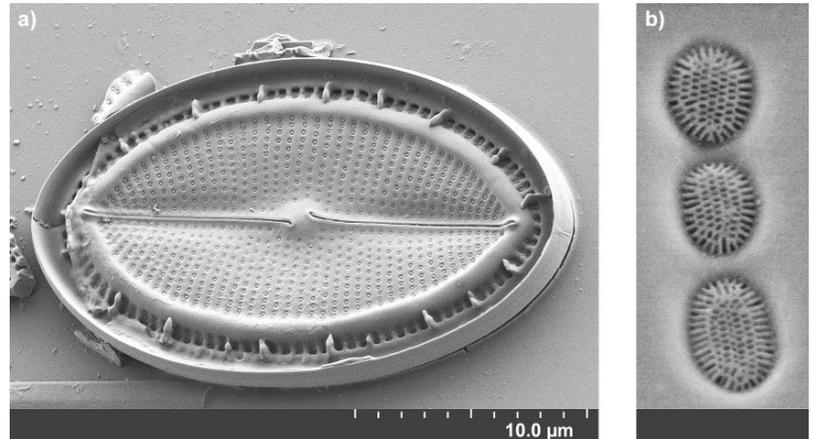
Die große morphologische Vielfalt der Formen, Strukturen und Symmetrien der Kieselalgeschalen war seit dem 19. Jahrhundert die Grundlage ihrer Identifizierung und Klassifizierung; man folgte einem phänetischen oder morphologischen Artkonzept. Lange Zeit wurden Kieselalgen in die beiden Ordnungen Centrales (radiale Schalen-symmetrie, Zellen mit vielen Plastiden von geringer Größe) und Pennales (auch Pennate genannt; bilaterale Schalen-symmetrie, nur wenige große Plastiden, oft in Einzahl) eingeteilt. In neueren Klassifizierungen wie z.B. Round et al. [1] wurden drei Klassen innerhalb des Stammes Bacillariophyta aufgestellt und in einer aktuelleren Klassifikation [2] auf die vier Klassen Coscinodiscophyceae (radiär zentrisch), Mediophyceae (bipolar zentrisch), Fragilariophyceae (pennat araphid) und Bacillariophyceae (pennat raphid) erweitert. Diese Neugliederungen auf Basis zytologischer, morphologischer und molekularer Daten markieren wichtige Schritte auf dem Weg zu einem natürlichen System der Kieselalgen. Hinsichtlich ihrer Position innerhalb des Baumes des Lebens ordnet die jüngste Klassifikation auf der Grundlage eines phylogenomischen Ansatzes die Kieselalgen in die SAR-Supergruppe ein, eine aus den Stramenopiles, Alveolates und Rhizaria bestehende Untergruppe der Chromista. Kieselalgen werden innerhalb der Stramenopilen (Heterokonten) zusammen mit Braun- (Phaeophyta) und Goldalgen (Chrysophyta) - Gruppen, die neben Chlorophyll *a* auch *c* besitzen - aber auch mit heterotrophen Protisten platziert [3] (Abbildung 10).



**ABB. 5** Schachtelprinzip der Kieselalgen. a) Rasterelektronenmikroskopische Außen- und Innenansicht von Ober- und Unterschale der pennaten und raphentragenden Kieselalge *Caloneis amphibaena*. b) Gürtelbänder einer zentrischen Kieselalge der Gattung *Thalassiosira* in Seitenansicht (Rasterelektronenmikroskop).



**ABB. 6** Schwebefortsätze bei lebenden Kieselalgen der Art *Asterionellopsis glacialis* aus dem Watt bei Amrum im Lichtmikroskop.

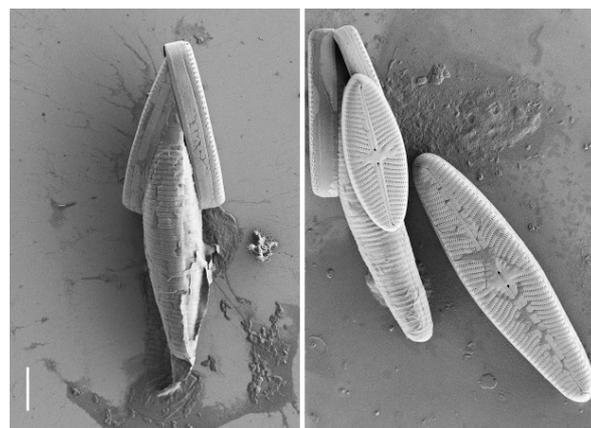


**ABB. 7** Innenansicht einer Valve. a) Mit Raphe und angeheftetem Gürtelband, b) Porendetails bei *Cocconeis placentula* im Rasterelektronenmikroskop. Die Poren haben einen Durchmesser von ca. 200–250 nm.

### Artenreich und weltweit verbreitet

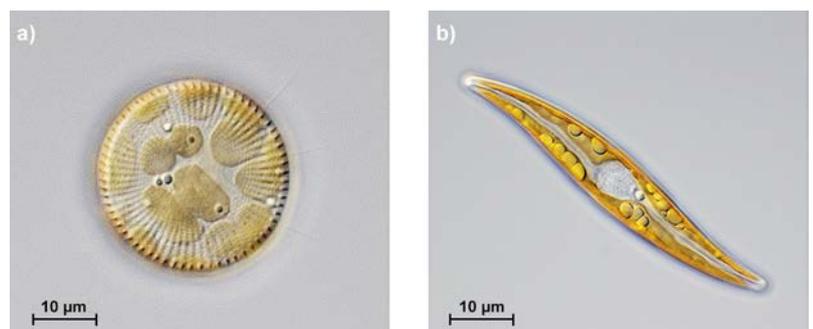
Kieselalgen kommen in allen Gewässern der Erde vor, im Meer und Süßwasser, von den Tropen bis zu den Polen. Sie leben auch aeroterrestrisch in Böden und auf Oberflächen [1, 4]. Die Fotopigmente der Kieselalgen können blaues und grünes Licht gut nutzen. Deshalb findet man sie auch in tiefen Wasserzonen oder in beschatteten Bereichen von Gewässern, wo viele andere Algen nicht mehr existieren können. Wenige marine Arten kommen als Endosymbionten (z. B. in Foraminiferen) vor. Die Mehrzahl der aquatischen Kieselalgen lebt planktisch oder benthisch. Die benthischen Gemeinschaften können ► epilithisch, ► epiphytisch, ► epipsammisch, ► epizoisch, zwischen anderen Algen flottierend und mit Gallerten festgeheftet vorkommen [1]. Pennate (längliche) Kieselalgen, die eine Raphe in einer oder beiden Valven der Frustel besitzen können, dominieren benthische Habitate, da ihnen diese Struktur Mobilität zur Besiedlung dieser Habitate verleiht. Andererseits dominieren zentrische (runde) Diatomeen in der Wassersäule aufgrund ihrer Form sowie spezieller Fortsätze, die es ihnen erlauben, länger im Wasser schwebend zu verbleiben. Aber Vertreter beider Symmetrien leben auch in dem jeweils anderen Habitat. So ist z. B. *Bacillaria paxillifera* pennat, lebt aber planktisch; bei ihr ist es der Strömungswiderstand der Kolonie, der das Absinken verhindert. Gleiches gilt für viele rapheulose Pennales (*Tabellaria*, *Diatoma*, *Fragilaria*), die man im Süßwasserplankton findet. Auf der anderen Seite leben einige zentrische Arten sowie pennate Arten ohne Raphe auch im Benthos.

Der Kenntniszuwachs der Artendiversität ist hoch. So stieg die Anzahl bekannter Kieselalgentaxa des Süßwassers in Deutschland allein in den letzten 20 Jahren von 1437 auf 2103 [5]. Weltweit können wir die Artenzahlen nur schätzen, da viele Habitate wie das marine Benthos und abgelegene Süßwasserhabitate in den Tropen oder in Gebirgsregionen noch immer sehr schlecht erforscht sind.



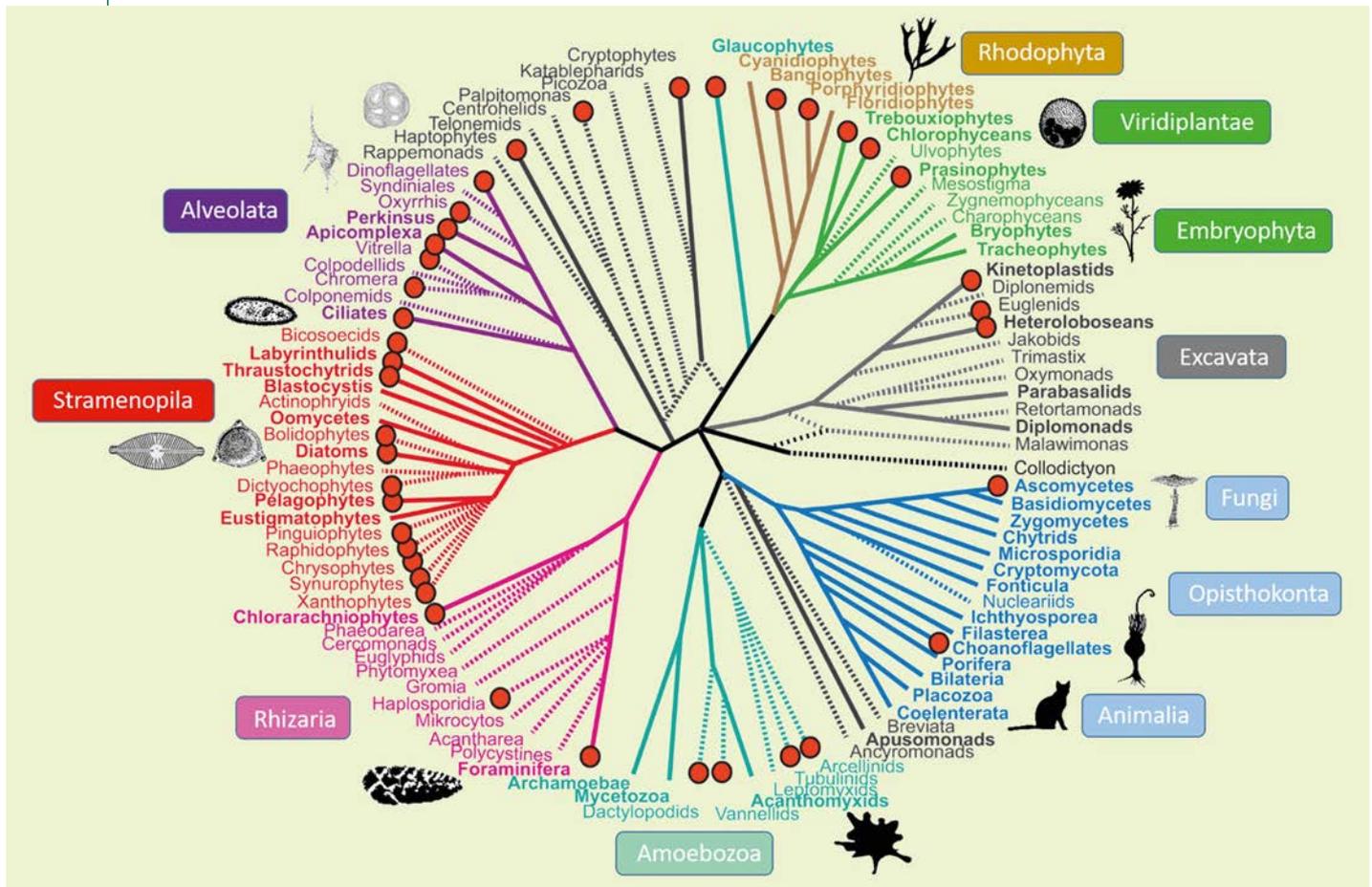
**ABB. 8** Auxosporenbildung bei *Navicula reinhardtii* im Rasterelektronenmikroskop.

Die Gesamtzahl der zu erwartenden Kieselalgenarten schwankt zwischen konservativ geschätzten 25.000 Arten und mehr als 250.000 Arten, hochgerechnet aus den Ergebnissen von Einzelstudien, aus Kreuzungsexperimenten oder Abschätzungen molekularer Diversität, die einen hohen Anteil verborgener (kryptischer) Diversität erwarten lässt. Unsere eigenen Untersuchungen mit molekularen



**ABB. 9** Durch Carotinoidpigmente sind die Plastiden der Kieselalgen grünlich-braun gefärbt, hier zu sehen bei einer *Stephanodiscus*- (a) und einer *Gyrosigma*-Art (b).

ABB. 10 | BAUM DES EUKARYOTISCHEN LEBENS



**Die Kieselalgen gehören zu den Stramenopila (rot).** Abb. modifiziert nach [19].

und morphologischen Methoden deuten darauf hin, dass bisher nur zehn Prozent der zu erwartenden Kieselalgentaxa beschrieben worden sein könnten. So konnten z. B. mehr als ein Drittel der Kieselalgenarten in den bisher untersuchten Regionen Mexikos mit der aktuellen, meist europäischen Bestimmungsliteratur keiner bekannten Art zugeordnet werden; sie werden als neu für die Wissenschaft beschrieben [6].

### Resultat mehrerer Endosymbioseereignisse

Die Kieselalgen sind eine recht junge Organismengruppe. Erst beginnend mit dem frühen Jura vor etwa 190 Millionen Jahren liegt ein umfangreicher Fossilienbeleg vor. Molekulare Berechnungen deuten jedoch auf einen früheren Ursprung während der Trias vor 240 Millionen Jahren hin. Dieser Unterschied von 60 Millionen Jahren zwischen den ältesten Fossilien und den Aussagen der molekularen Uhren lässt vermuten, dass die frühen Diatomeen noch nicht verkieselt waren. Es wird davon ausgegangen, dass die frühesten Kieselalgen im Meer lebten und die erste größere Besiedlung von Süßwasserhabitaten im frühen Känozoikum stattfand, obwohl kleinere Besiedlungen von Süßwasserhabitaten bereits vor über 60 Mio Jahren im Mesozoikum stattgefunden haben könnten [7].

Die Vorfahren der Kieselalgen sind anscheinend in mehreren Endosymbioseereignissen entstanden. Die erste Endosymbiose ereignete sich vor etwa 1,5 Milliarden Jahren, indem ein eukaryotischer heterotropher Einzeller ein Cyanobakterium bei einer unvollständigen Phagozytose aufgenommen hatte und zum Vorfahren aller Glaucophyten, Chlorophyten und Rhodophyten sowie Landpflanzen wurde. Die zweite Endosymbiose ereignete sich etwa eine Milliarde Jahre später, als ein weiterer eukaryotischer heterotropher oder mixotropher Organismus eine Rhodophytenzelle aufnahm. Aus dem Rotalgenendosymbionten wurden schließlich die Plastiden der Chromista (einer großen Gruppe von Algen, deren Plastiden durch Carotinoide braun gefärbt sind, und zu denen neben den Bacillariophyta u. a. auch Haptophyta, Chrysophyceae, Xanthophyceae und Phaeophyceae gehören). Es gibt weitere Besonderheiten der Kieselalgen, die auf Endosymbiosen zurückzuführen sind. Dazu gehören beispielsweise ein vollständiger Harnstoffzyklus, vierschichtig von Membranen umhüllte Plastiden, sowie die Fähigkeit Fettsäuren zu produzieren und zu oxidieren, um Stoffwechselzwischenprodukte zu erzeugen [8–10]. Außerdem hatten zwei weitere bedeutende Ereignisse in der Evolution der Kieselalgen großen Einfluss auf ihr Genom: Während der ersten Endosymbiose fand ein

horizontaler Gentransfer von Chlamydien (obligat intrazelluläre Bakterien) statt. Die Entdeckung einer großen Anzahl von Grünalgenengen im Genom der Kieselalgen und anderen Chromista lässt vermuten, dass sie eine Zeitlang neben dem Rotalgen-Endosymbionten auch noch einen Grünalgen-Endosymbionten besaßen.

### Kieselalgen als ▶ Bioindikatoren

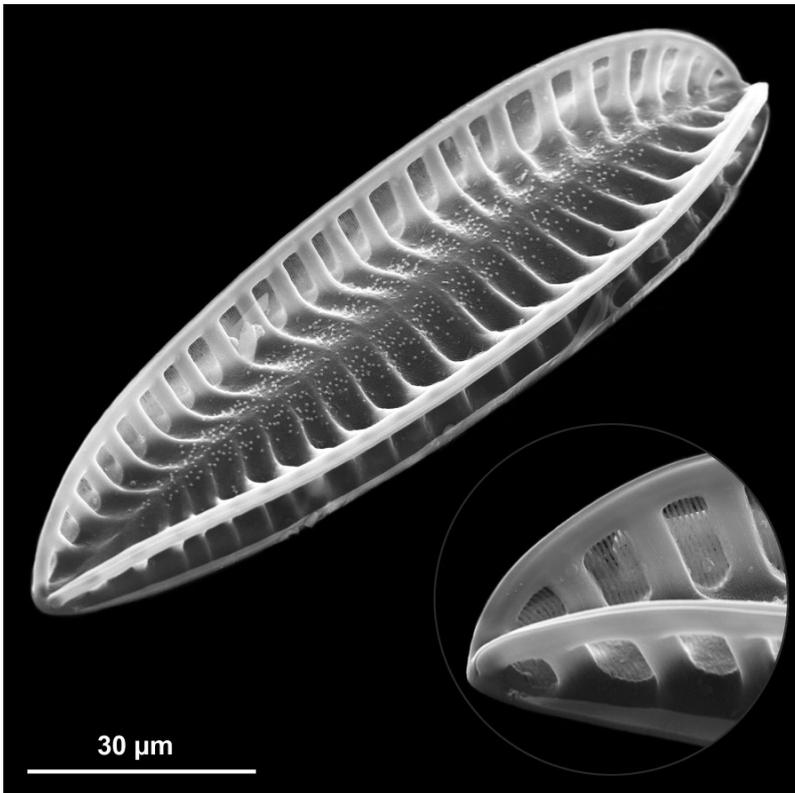
Kieselalgen besitzen eine große Diversität, entwickeln hohe Individuendichten, sind weit verbreitet und haben einen kurzen Lebenszyklus. Ihre Position an der Basis aquatischer Nahrungsnetze und ihr spezifisches Vorkommen in bestimmten Gewässertypen sowie die relativ einfache Probenahme, Präparation, Quantifizierung und Archivierung machen Kieselalgen zu idealen Indikatoren der Wasserqualität [11]. Die hohe Beständigkeit der Kieselalgen ermöglicht es, ihr Vorkommen sogar in fossilen Sedimenten und Bohrkernen abzulesen und für paläoklimatische Untersuchungen zu nutzen. Schon vor mehr als hundert Jahren fiel den Gewässerkundlern Kolkwitz und Marsson in Berlin auf, dass das Auftreten bestimmter Arten bzw. Artengemeinschaften an die Gewässergüte gebunden ist. Sie entwickelten das erste System zur Bewertung von Gewässern (Saprobien-System), in dem die Kieselalgen eine wichtige Rolle spielten und schufen damit die Grundlage für das moderne Biomonitoring. Später wurde, beginnend mit Kolbe, ein Verfahren für die Indikation von Salzgehalten von Gewässern erarbeitet (Halobien-System). Trotz verbesserter chemisch-physikalischer Untersuchungsmethoden im Laufe des letzten Jahrhunderts legte die EU-Wasser-Rahmenrichtlinie (WRRL) von 2000 einen Fokus wieder auf Bioindikation vor allem trophischer Verhältnisse, da diese Methode nicht nur zeitlich punktuelle chemisch-physikalische Aussagen ermöglicht, sondern die Wirkungen längerfristiger Umwelteinflüsse auf Organismen indiziert. Zielsetzung der WRRL war es, einen Ordnungsrahmen für den Schutz der Gewässer zu schaffen, um dadurch einen guten ökologischen und chemischen Zustand der Gewässer zu erreichen. Um Veränderungen in Qualität und Quantität von Flora und Fauna zu erkennen, benötigt man Referenzzustände, d. h. Gewässer der einzelnen Gewässertypen in sehr gutem Zustand. Diese Gewässer gibt es kaum noch in Deutschland, aber vereinzelt helfen Auswertungen archivierter Proben in naturhistorischen Sammlungen oder von Sedimenten bei der Referenzerstellung weiter. Durch jahrzehntelange Kieselalgenanalysen haben wir inzwischen eine relativ gute Kenntnis über ökologische Präferenzen verschiedener Arten sowie von ihrem Vorkommen und Gefährdungsgrad in verschiedenen Gewässertypen [5, 12] (für die verschiedenen und weltweiten Entwicklungen der Bioindikation siehe [11]).

### Bestimmungsmethoden im Wandel

Aufgrund vielfältiger Merkmale der Kieselalgen erscheint das Bestimmen von Kieselalgen im Gegensatz zu anderen Einzellern auf den ersten Blick relativ einfach. Da

die Merkmale der Kieselalgen in einem hochauflösenden Lichtmikroskop gut zu sehen sind, spielen Lebendbeobachtung für die Bestimmung heutzutage kaum eine Rolle mehr. Es bedarf allerdings einiger spezifischer Präparationsschritte, um die entsprechenden Merkmale sichtbar zu machen. Durch chemische Oxidation wird das gesamte organische Material aus einer Probe entfernt, damit nur noch die Schalen der Kieselalgen übrig bleiben. Diese werden dann in einem hochbrechenden Medium (z. B. Naphrax) eingebettet, damit das Präparat bei höchster Vergrößerung unter Ölimmersion mikroskopisch untersucht werden kann. Wenn dann noch ein passendes Bestimmungsbuch zur Hand ist, sind die Diatomeen mit etwas Übung zumindest bis auf das Niveau der Gattung gut zu bestimmen. Die sichere Bestimmung bis zur Art verlangt dagegen jahrelange Erfahrung. Für die mitteleuropäischen Süßgewässer gibt es ein aktuelles Bestimmungsbuch für häufige Arten [12]. In anderen Regionen sind oft nur Teilfloren vorhanden bzw. Internetdatenbanken im Aufbau (z. B. Diatoms.org für Nordamerika, Jüttner et al. für England und Irland, <https://naturalhistory.museumwales.ac.uk/diatoms/Home.php>). Nach Einführung der Elektronenmikroskopie in den 1940er Jahren wurden Diatomeen zunächst im Transmissionselektronenmikroskop untersucht. Seit den 1980er Jahren wurde das Rasterelektronenmikroskop zu einem wichtigen Werkzeug bei der Untersuchung mikromorphologischer Strukturen von Kieselalgen. Mit den neuesten Feldemissionselektronenmikroskopen werden sogar Details im Nanobereich sichtbar, die bei der Identifizierung schwer bestimmbarer Arten hilfreich sein können (Abbildung 11).

Zur Erforschung der Verwandtschaftsbeziehungen der Kieselalgen werden seit den 2000er Jahren vermehrt molekulare Methoden genutzt. Die DNA-Sequenzen bestimmter Gene aus dem Zellkern (z. B. 18S und 28S) und aus den Plastiden (*rbcL*) entwickeln sich zu einem Standard für die molekulare ▶ Taxonomie. Die dazu benötigte DNA stammt entweder aus monoklonalen (unialgalen) Kulturen oder wird ggf. aus einzelnen Zellen einer spezifischen Art isoliert. Die erhaltenen DNA-Sequenzen einer Art werden mit Sequenzen anderer Isolate verglichen (aligniert) und diversen statistischen Verfahren unterzogen, um ihre Verwandtschaftsverhältnisse anhand des vorliegenden Merkmalsdatensatzes zu ergründen. Diese werden dann häufig in Kladogrammen visualisiert. Große Hürden für diese neue Methode sind die Einzelzellisolierung und das Erstellen von unialgalen Kulturen, denn das Isolieren einzelner meist kleiner Algen erfordert große Geschicklichkeit. Das Kultivieren von Zellen für die DNA-Sequenzierung ist mühselig und benötigt viel Zeit. Aber dieser Aufwand ist gerechtfertigt, da man anhand der Kulturen auch Erkenntnisse über die Schalenvariabilität (hinsichtlich Größe, Form und Musterung) einzelner Arten gewinnt, insbesondere wenn einige Kulturen Auxosporen bilden, d. h. sich ihre Zellen um das Vielfache vergrößern und somit wenig Ähnlichkeit mit den Ausgangszellen haben.



**ABB. 11** Außenansicht (Rasterelektronenmikroskop) einer Valve von *Iconella* sp. mit umlaufender Raphe auf Stelzen. Detailaufnahme: Die Hohlräume zwischen den Stelzen sind mit verstärkenden aber leichten Strukturen gefüllt.

Der Vergleich von molekularen Daten und morphologischen Merkmalen hilft dabei, bestimmte Charakteristika einer Art als Bestimmungskriterium zu stützen oder in Frage zu stellen. Durch das Zusammenführen der molekularen Daten mit den morphologischen und mikromorphologischen Bildern in einer Internetdatenbank wird die Erstellung einer Referenzdatenbank (Reference Library) ermöglicht. Um allen Erfordernissen der Nutzenden in Praxis und Forschung sowie den Forschungsförderern gerecht zu werden, werden Sammlungsdaten mit Bildokumentation und Namensdaten sowie molekulare Forschungsprimärdaten in einer taxonomischen Datenbank (<http://www.algaterra.org>) zusammengeführt. Alle Datenbanken sind ohne Restriktion über das Internet abfragbar, und die relevanten Daten werden zusätzlich an internationale Datenbanken wie die Global Biodiversity Information Facility (GBIF) übermittelt.

### GBOL<sup>2</sup>: German Barcoding of Life

► DNA-Barcoding und ► DNA-Metabarcoding für Umweltprouben bieten in der Anwendung, im Probanddurchsatz und hinsichtlich der Reproduzierbarkeit wesentliche Vorteile und werden deshalb zunehmend als Alternative zu den traditionellen, rein morphologiebasierten Bestimmungsmethoden eingesetzt. DNA-Barcoding nutzt einen kurzen genetischen Marker in der DNA eines Organismus

[13], um ihn eindeutig einer bestimmten Art, unabhängig von dem Stadium in seinem Lebenszyklus, zuzuordnen. Dies erreicht man durch den Vergleich mit einer Referenzdatenbank. Für das Metabarcoding von Umwelt-DNA (► eDNA) wird die in einer Umweltprobe vorhandene Barcode-DNA zunächst amplifiziert und danach einer Hochdurchsatzsequenzierung (High Throughput Sequencing, HTS) unterzogen. Nach der Sequenzierung wird eine Analysepipeline verwendet, die mehrere bioinformatische Verfahren kombiniert und zu einer Liste von ► Molecular Operational Taxonomic Units (MOTUs) führt. Die Liste der MOTUs kann dann den morphologisch sowie molekular identifizierten Taxoneinträgen aus DNA-Referenzbibliotheken zugeordnet werden, was zu einer Artenliste führt, die bei der Beurteilung der Wasserqualität verwendet werden kann. Gegenwärtig befinden sich sowohl taxonomieunabhängige als auch auf Supervised Machine Learning (SML) basierte Verfahren in Kombination mit eDNA-Metabarcoding in einer frühen Testphase und werden für zukünftige Anwendungen im sogenannten Next Generation Biomonitoring sehr interessant. Nichtsdestotrotz sind solche hochinnovativen Ansätze weiterhin auf robuste Eichdatensätze angewiesen, die auf chemischen, taxonomischen sowie ökologischen Daten basieren.

Innerhalb des vom Bundesministerium für Forschung geförderten Projekts GBOL<sup>2</sup> (2016–2019) konnten wir in den letzten Jahren mehr als 2000 Kieselalgenkulturen aus deutschen bzw. mitteleuropäischen Gewässern erstellen, die über 420 Arten aus 77 Gattungen umfassen. Da für Deutschland bisher 2103 Kieselalgentaxa (morphologisch) beschrieben sind [5], haben wir damit erst 1/5 der bekannten Kieselalgenflora Deutschlands mit molekularen Methoden erfasst. Eine grundlegende Erkenntnis für uns war, dass es eine deutlich größere genetische Artenvielfalt gibt, als ihre Morphologie erwarten lässt (Stichwort: cryptic species) [14]. Für einige Gruppen allerdings, die eine große morphologische Variabilität in ihrer Umrissform haben, konnte interessanterweise auch das Gegenteil gezeigt werden (Stichwort: overdescription) [15]. Da viele Kieselalgenarten zuerst in Deutschland beschrieben wurden, ist unser Datensatz international von großer Bedeutung, weil mit seiner Hilfe Funde auf anderen Kontinenten mit den mitteleuropäischen Konzepten verglichen werden können. Zusätzlich zu der Erstellung von Referenzbibliotheken und den höher auflösenden Artmerkmalen ermöglichen uns die erarbeiteten Daten, seit langem ungelöste phylogenetische Fragen zu klären.

### Der Fall *Gomphonella olivacea*

Namen sind Schall und Rauch? Die häufigste *Gomphonema*-Art in Mitteleuropa ist keine *Gomphonema*! In den 2000er Jahren kooperierten wir mit Kollegen von der Universität Göttingen, die mit Hilfe DNA-basierter Methoden die Diatomeen (und Cyanobakterien) an den Sinterterrassen eines Mittelgebirgsbaches in Deutschland bestimmen wollten. Bei der Durchsicht der gefundenen Arten fiel uns



**ABB. 12** Kolonie von *Gomphonella olivacea* auf kurzen Stielen.

auf, dass eine der wichtigsten Arten aus den Flüssen Mitteleuropas – *Gomphonema olivaceum* (Abbildung 12) – nicht auf der Taxaliste stand. Die naheliegende Annahme, dass das häufige aber unbestimmbare MOTU – nur mit dem allgemeinen Begriff Cymbellales bezeichnet – mit der gesuchten Art übereinstimmen könnte, wurde verworfen, weil dieses Cymbellales-MOTU nach molekularen Befunden keine *Gomphonema* sein konnte. Im BMBF-finanzierten Projekt GBOL<sup>2</sup> gelang es unserer Forschungsgruppe, einige Kulturen von *Gomphonema olivaceum* zu erstellen. Als der 18S-Sequenzvergleich eine Übereinstimmung von *Gomphonema olivaceum* mit diesem Cymbellales-MOTU ergab, war das Erstaunen groß. Wenn aber die Art *Gomphonema olivaceum* nach molekularen Befunden keine *Gomphonema* sein kann, wie im europäischen Raum bisher akzeptiert [12], zu welcher Gattung gehört sie dann? Vielleicht sollte sie doch *Gomphoneis olivacea* heißen, wie sie im englischsprachigen Raum nach Ultrastrukturbefunden der Forscherin Dawson seit den 1980er Jahren genannt wurde?

Um zu prüfen, ob die Art wirklich dieselbe ist, die der Erstbeschreiber meinte, muss der Typus angeschaut werden. Der Typus ist das Eichpräparat, das in jeder Neubeschreibung zitiert und in einer öffentlichen Sammlung hinterlegt sein muss. Datenbanken halfen uns, den Namen auf Prof. Hornemann zurückzuführen, der 1810 ein Bild mit dem Namen *Ulva olivacea* in der *Flora Danica* veröffentlicht hatte, das eine olivgrüne Gallertmasse zeigt. Die erste Reaktion der Kollegin aus dem Kopenhagener Herbarium war: „Das kann doch keine Diatomee sein!“ Unsere Bitte, uns das Material für weitere Untersuchungen zu schicken, löste eine Suche aus, denn das Material war 50 Jahre zuvor in die USA ausgeliehen worden, wo es glücklicherweise ein halbes Jahr später gefunden wurde. Unsere Spannung war groß, ob dieses vor über 200 Jahren gesammelte Material wirklich die gesuchte Art war. Ergebnis: Das heutige Artkonzept entspricht dem Typus! Wir

machten viele lichtmikroskopische Fotos der Population vom Typuspräparat sowie der aktuellen Kulturen und der Populationen, aus denen die Kulturen stammten, um die Morphometrie und die Variabilität der Valven zu dokumentieren. Außerdem wurden hoch auflösende Bilder der Valvendurchbrüche (Areolen) im Feldemissionselektronenmikroskop an nicht mit Gold bedampften Proben gemacht, wie sie vorher noch nicht möglich und daher nicht bekannt waren.

In der mehr als zweihundertjährigen Forschungsgeschichte wurde die Art mehrfach verschiedenen Gattungen zugeordnet. Rabenhorst hatte 1853 als Erster die Kombination *Gomphonella olivacea* vorgeschlagen, die in der Folgezeit wieder vergessen worden war. Es zeigte sich, dass die Art aufgrund der molekularen und morphologischen Daten nicht zur Gattung *Gomphonema* gehören konnte [15, 16]. Außerdem belegten die von uns gewonnenen Daten, dass sie auch nicht zur Gattung *Gomphoneis* gehören kann, insbesondere da diese Gattung in ihrem bisherigen Konzept nicht monophyletisch war [17]. Wir entschieden uns deshalb dafür, den Namen *Gomphonella olivacea* zu verwenden, die Artbezeichnung, die bereits eingeführt aber später wieder verworfen worden war. Die Art *Gomphonella olivacea* blieb nicht die einzige in dieser Gattung. So beschrieben wir weitere neue Arten aus unseren Kulturen: *Gomphonella acsiae* aus dem Plattensee (Ungarn), *Gomphonella coxiae* (aus Brandenburg) und *Gomphonella tegelensis*, eine Neobiontin für Deutschland, die 2009 erstmals im gut untersuchten Tegeler See in Berlin auftrat, nicht kultivierbar war, aber während GBOL<sup>2</sup> durch genetische und morphologische Untersuchung einzelner Zellen analysiert werden konnte [17, 18].

### Zusammenfassung

*Kieselalgen, auch Diatomeen genannt, sind meist photoautotrophe, mikroskopisch kleine, einzellige Eukaryoten und enorm wichtige Primärproduzenten, die mindestens 25 Prozent des globalen Sauerstoffs produzieren. Kieselalgen leben im Plankton sowie im Benthos aller marinen und limnischen Ökosysteme, aber auch teilweise in terrestrischen Ökosystemen. Herausragendes Merkmal der artspezifisch sehr vielfältigen Morphologie ist die namensgebende Zellwand aus Kieselsäure. Die Endosymbioseereignisse und die Evolution ihrer Plastiden sowie die spezifische Kombination von Stoffwechselwegen sind einzigartig. Die Artendiversität der Kieselalgen, die die artenreichste Gruppe der Algen repräsentieren, ist zu diesem Zeitpunkt nur grob zu schätzen. Sie wird mit Hilfe von Integrativer Taxonomie (Analyse von Kulturen, Morphologie, Genetik, etc.) erforscht. Kieselalgen sind aufgrund ihrer hohen Artendiversität, Individuendichte und des artspezifischen Vorkommens in allen Gewässertypen ideale Bioindikatoren für Gewässergüteeinschätzungen mit Hilfe von mikroskopischen und auch zunehmend DNA-basierten Verfahren.*

## GLOSSAR

**Auxosporen:** Werden gebildet, um die maximale Zellgröße einer Art/Population wiederherzustellen, da Diatomeen beim Vermehrungsteilen immer kleiner werden. Häufig, aber nicht immer, geht eine sexuelle Fortpflanzung damit einher.

**Bioindikator:** Organismus, der sehr empfindlich und spezifisch auf Änderungen in seinem Lebensraum reagiert und dadurch als Anzeiger für die Umweltqualität dienen kann.

**DNA-Barcoding:** Identifikation eines Organismus über einen DNA-Barcode. Bei diesem handelt es sich um ein kurzes Stück des Genoms (Gesamtheit aller Gene), das in allen zu untersuchenden Organismen vorkommt und in der Regel zur Artunterscheidung nutzbar ist. Voraussetzung für eine erfolgreiche Identifikation ist die eindeutige Zuordnung zu einem in einer öffentlich zugänglichen und wissenschaftlich kuratierten Datenbank hinterlegten Referenzbarcode, der idealerweise aus einem wissenschaftlich dokumentierten Belegexemplar der Art gewonnen wurde.

**DNA-Metabarcoding:** Hochdurchsatz-(HTS)-Methode zur DNA-basierten Identifikation von Organismen in einer Umweltprobe, über die die Zuordnung einer Vielzahl von Sequenzen (DNA-Barcodes) in dieser Umweltprobe zu Referenzdaten in einer Datenbank funktioniert. So kann verhältnismäßig schnell die Diversität in Ökosystemen nachgewiesen und/oder evaluiert werden.

**eDNA:** (environmental DNA, Umwelt-DNA): DNA, die aus einer Umweltprobe (z. B. Boden-, Biofilm-, Wasser- oder Luftprobe) und nicht aus einem einzelnen Individuum stammt. eDNA enthält Spuren von DNA verschiedener in der beprobten Umwelt vorkommender Organismen.

**epilithisch:** (altgr. *ἐπί* *epi* ‚auf‘, ‚über‘ und *λίθος* *lithos* ‚Stein‘) auf Gesteinsoberflächen (Steinen) vorkommende Organismen.

**epiphytisch:** (altgr. *ἐπί* *epi* ‚auf‘, ‚über‘ und *φυτόν* *phyton* ‚Pflanze‘) auf der Oberfläche von Pflanzen (d. h. im Wasser Seegras oder Algen) vorkommende Organismen.

**epipsammisch:** (altgr. *ἐπί* *epi* ‚auf‘, ‚über‘ und *ψάμμος* *psammos* ‚Sand‘) auf und in der obersten Sandschicht der Gewässer vorkommende Organismen.

**Epitheka/Hypotheka:** Bezeichnung für die obere und untere Schale, die gemeinsam die Frustel bzw. Zellwand bilden, die die Diatomeenzelle umhüllt. Sie werden innerhalb des äußeren Plasmalemmas ausgebildet.

**epizoisch:** (altgr. *ἐπί* *epi* ‚auf‘, ‚über‘ und *ζῶον* *zōon* ‚Lebewesen, Tier‘) auf der Oberfläche (d. h. Haut, Haar oder Federkleid, Exoskelett oder Gehäuse) von lebenden Tieren vorkommende Organismen.

**Frustel:** Gesamte schachtelförmige Zellhülle der Kieselalgen bzw. Diatomeen bestehend aus Epitheka und Hypotheka bzw. zwei Valven plus Gürtelbändern, besteht überwiegend aus Siliziumdioxid.

**Gürtelbänder (Cingulum):** Ein Bestandteil der Frustel. Das Gürtelband besteht meist aus mehreren ringförmigen Streifen (Copulae). Es befindet sich zwischen den beiden Schalenhälften und hält diese zusammen.

**MOTU (Molecular Operational Taxonomic Unit):** OTU ist eine operative Definition, die zur Klassifizierung von Gruppen eng verwandter Organismen verwendet wird. Heutzutage wird der Begriff „OTU“ jedoch auch in einem anderen Zusammenhang verwendet und bezieht sich auf Cluster von (unkultivierten oder unbekannt) Organismen, gruppiert nach der DNA-Sequenzähnlichkeit eines spezifischen taxonomischen Markergens (MOTU). MOTUs sind pragmatische Proxies für „Arten“ (mikrobielle oder metazoische) auf verschiedenen taxonomischen Ebenen in Abwesenheit traditioneller biologischer Klassifikationssysteme, wie sie für makroskopische Organismen zur Verfügung stehen.

**Taxonomie:** Wissenschaft der Entdeckung, Beschreibung, Klassifizierung und Benennung von Organismen.

**Valve (Mehrzahl Valvae):** lat. Flügel einer Tür, bei Diatomeen Bezeichnung einer einzelnen Kieselschale; eine Valve plus Gürtelbänder bilden die Epi- oder Hypotheka; zwei Valven plus Gürtelbänder bilden die Frustel.

## Summary

### Diatoms – tiny but important

#### Biodiversity and oxygen production in a glass box

Diatoms are mainly photoautotrophic, microscopic, unicellular eukaryotes and enormously important primary producers, producing at least 25 per cent of global oxygen. Diatoms live in plankton as well as in the benthos of all marine and limnic ecosystems, but also to some extent in terrestrial ecosystems. The outstanding feature of the species-specific very diverse diatom morphology is the cell wall made of silica. The endosymbiosis events and evolution of their plastids as well as the specific combination of metabolic pathways are unique. The species diversity of diatoms, which represent the most species-rich group of algae, can only be roughly estimated at this time. This species diversity is being explored using integrative taxonomy (analysis of cultures, morphology, genetics, etc.). Diatoms are ideal bioindicators for water quality assessments using microscopic and increasingly DNA-based methods due to their high species diversity, individual density and species-specific occurrence in all types of water bodies.

## Schlagerworte:

Integrative Taxonomie, DNA-Barcoding, Metabarcoding, Kieselalgen, Biomonitoring.

## Literatur

- [1] F. E. Round et al. (1990). The diatoms. Biology, and morphology of the genera. Cambridge University Press, Cambridge.
- [2] E. J. Cox (2015). Diatoms, Diatomeae (Bacillariophyceae s.l., Bacillariophyta). In: W. Frey, editor. Syllabus of plant families 2/1. Photoautotrophic eukaryotic Algae. Borntraeger Science Publishers, Stuttgart, 64–103.
- [3] P. J. Keeling et al. (2014). The Marine Microbial Eukaryote Transcriptome Sequencing Project (MMETSP): Illuminating the Functional Diversity of Eukaryotic Life in the Oceans through Transcriptome Sequencing. PLOS Biology, doi.org/10.1371/journal.pbio.1001889
- [4] J. Seckbach, J. P. Kociolek (Hrsg.) (2011). The Diatom World. Springer, Dordrecht et al.
- [5] G. Hofmann et al. (2018). Rote Liste und Gesamtartenliste der limnischen Kieselalgen (Bacillariophyta) Deutschlands – In: D. Metzger et al. (Red.): Rote Liste gefährdeter Tiere, Pflanzen und Pilze Deutschlands. Band 7: Pflanzen. Landwirtschaftsverlag, Münster, Naturschutz und Biologische Vielfalt, 70 (7), 601–708.
- [6] D. Mora (2018). An integrative approach to epilithic diatom diversity analysis in tropical streams from the Lerma-Chapala Basin, Central Mexico. Dissertation, Freie Universität Berlin. urn:nbn:de:kobv:188-refubium-23033-5, http://dx.doi.org/10.17169/refubium-831
- [7] P.A. Sims, D.G. Mann, L.K. Medlin (2006). Evolution of the diatoms: insights from fossil, biological and molecular data, Phycologia 45, 361–402.
- [8] E. V. Armbrust (2009). The life of diatoms in the world's oceans. Nature 459, 185–192. https://doi.org/10.1038/nature08057.
- [9] A. E. Allen et al. (2011). Evolution and metabolic significance of the urea cycle in photosynthetic diatoms. Nature 473, 203–207, https://doi.org/10.1038/nature10074
- [10] R. G. Dorrell, A. G. Smith (2011). Do red and green make brown? Perspectives on plastid acquisitions within chromalveolates. Eukaryotic Cell 10, 856–868, https://doi.org/10.1128/EC.00326-10

- [11] J. P. Smol, E. F. Stoermer (Hrsg.) (2010), *The Diatoms. Applications for the Environmental and Earth Sciences*. Cambridge University Press, Cambridge, 2. Aufl.
- [12] G. Hofmann, M. Werum, H. Lange-Bertalot (2013). *Diatomeen im Süßwasser-Benthos von Mitteleuropa*. Koeltz Scientific Books, Königstein.
- [13] J. Zimmermann (2015). *DNA Barcoding and eDNA Barcoding in Diatoms*. Dissertation, Julius-Liebig-Universität Gießen. URN: urn:nbn:de:hebis:26-opus-112812, URL: <http://geb.uni-giessen.de/geb/volltexte/2015/11281/>
- [14] R. Jahn et al. (2017). *Planothidium lanceolatum* and *Planothidium frequentissimum* reinvestigated with molecular methods and morphology: four new species and the taxonomic importance of the sinus and cavum. - *Diatom Research* 32(1): 75–107, <http://dx.doi.org/10.1080/0269249X.2017.1312548>
- [15] N. Abarca et al. (2020). Defining the core group of the genus *Gomphonema* Ehrenberg with molecular and morphological methods, *Botany Letters*, <https://doi.org/10.1080/23818107.2019.1694980>
- [16] N. Abarca et al. (2014). Does the cosmopolitan diatom *Gomphonema parvulum* (Kützing) Kützing have a biogeography? *PLoS ONE* 9(1): e86885, doi:10.1371/journal.pone.0086885
- [17] O. Skibbe et al. (2018). *Gomphoneis tegelensis* sp. nov. (Bacillariophyceae): a morphological and molecular investigation based on selected single cells. *Diatom Research* 33: 251–262, <https://doi.org/10.1080/0269249X.2018.1518835>
- [18] R. Jahn et al. (2019). *Gomphonella olivacea* (Bacillariophyceae) – a new phylogenetic position for a well-known taxon, its typification, new species and combinations. *Plant Ecol. Evol.* 152(2): 219–247, doi:10.5091/pleveo.2019.1603

## Die Autor\*innen



Jonas Zimmermann ist seit 2019 Leiter der BGBM-Forschungsgruppe Diatomeen, Freie Universität Berlin. Er studierte Biologie an der Freien Universität Berlin und promovierte 2015 an der Justus-Liebig-Universität Gießen (Dissertation über Etablierung von DNA-Barcoding und Metabarcoding für Diatomeen) und war seitdem Postdoc in verschiedenen Diatomeenprojekten am BGBM (u.a. GBOL<sup>2</sup>, DNAqua-Net, GeDNA). Seine Forschungsschwerpunkte sind die integrative Taxonomie der Kieselalgen, die Implementierung bzw. Verbesserung von eDNA-Metabarcoding für die Bewertung der Wasserqualität im Kontext der EU-Wasserrahmenrichtlinie anhand von Kieselalgen sowie der Aufbau einer taxonomisch kuratierten Kieselalgen-Referenzdatenbank.



Nérida Abarca ist seit 2019 Algenkuratorin und Co-Leiterin der BGBM-Forschungsgruppe Diatomeen an der Freien Universität Berlin. Sie studierte Biologie an der Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo, Morelia, Michoacan, Mexico, und machte dort 2000 ihren Abschluss (Diplomarbeit: Pleistozäne Evolution des Paleosees von Zacapu, basierend auf dem Register von fossilen Diatomeen). 2010 promovierte sie an der Freien Universität (Dissertation über die Biodiversität der Diatomeen im Lerma-Einzugsgebiet in Mexiko) und war seitdem Postdoc in verschiedenen Diatomeenprojekten am BGBM (u.a. GBOL<sup>2</sup>). Ihre Forschungsschwerpunkte sind die Phylogenie und Taxonomie von Diatomeen mit morphologischen und molekularen Methoden sowie der Aufbau einer taxonomisch kuratierten Kieselalgen-Referenzdatenbank.



Wolf-Henning Kusber ist Datenkurator der BGBM-Forschungsgruppe Diatomeen, Freie Universität Berlin. Er studierte Biologie und Germanistik an der Freien Universität. Nach seiner Assistentenzeit arbeitete er in Algen- und Biodiversitätsinformatischen Projekten (u. a. Digitalisierung Afrikanischer Diatomeen, Erstellung Roter Listen, AlgaTerra, GBIF-D). Seit 2016 baut er die Internetdatenbank PhycoBank auf, dem internationalen Registrierungssystem für Algennamen und -typen. Er ist Mitherausgeber des International Code of Nomenclature for algae, fungi, and plants (Shenzhen Code).



Oliver Skibbe ist Projektmitarbeiter der BGBM-Forschungsgruppe Diatomeen, Freie Universität Berlin, und für die Isolation und Kultivierung von Kieselalgen verantwortlich. Er studierte Biologie an der Freien Universität Berlin und promovierte dort 1999. Die Dissertation beschäftigte sich mit der ökologischen Rolle von planktischen Protozoen (Ciliata) im Nahrungsnetz eines Berliner Sees. Sein besonderes Interesse gilt den Anpassungen und der Lebensweise einzelliger Organismen.

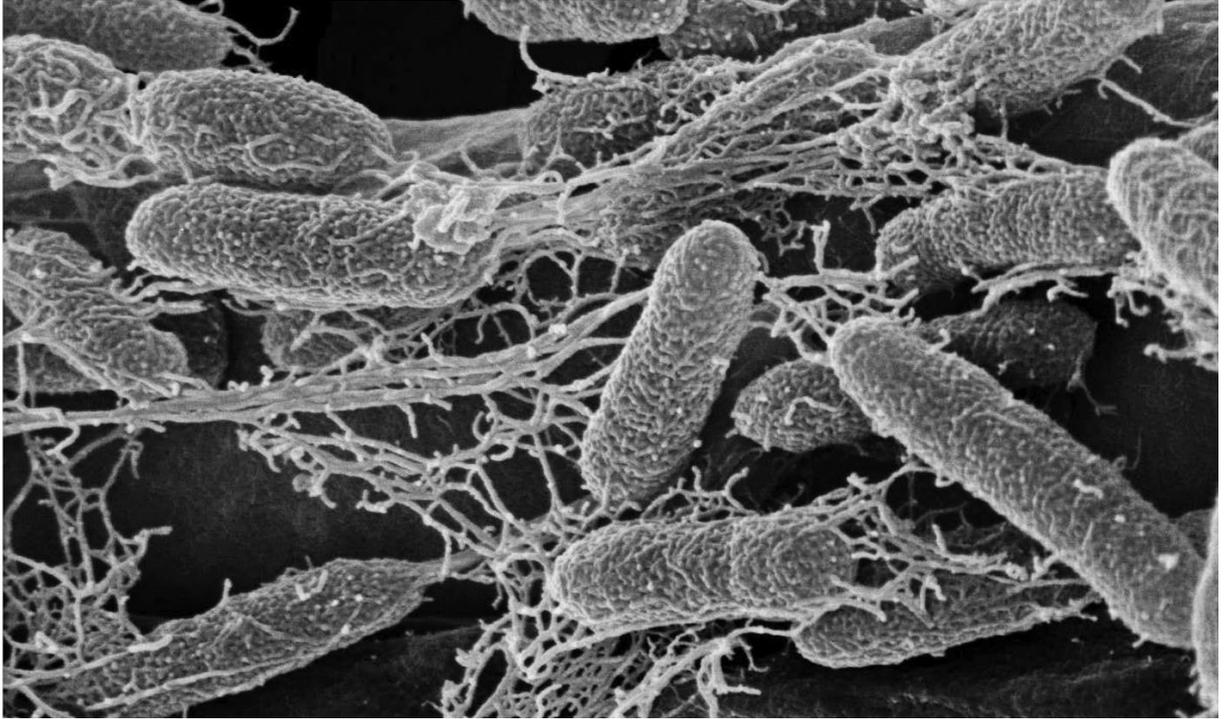


Regine Jahn hat die BGBM-Forschungsgruppe Diatomeen an der Freien Universität Berlin aufgebaut und hatte bis zu ihrer Pensionierung 2019 deren Leitung inne. Sie hat in West-Berlin und in den USA studiert, 1990 an der Freien Universität Berlin promoviert und war am BGBM in verschiedenen Positionen fast 30 Jahre lang tätig. Ihre Forschungsschwerpunkte sind Nomenklatur und integrative Taxonomie der Diatomeen sowie der Aufbau einer Diatomeen-Kulturen-Sammlung als Grundlage für eine taxonomisch kuratierte Kieselalgen-Referenzdatenbank.

### Korrespondenz:

Dr. Jonas Zimmermann  
Forschungsgruppe Diatomeen  
Botanischer Garten und Botanisches Museum  
Freie Universität Berlin  
Königin-Luise-Str. 6–8  
14195 Berlin  
E-Mail: [j.zimmermann@bgbm.org](mailto:j.zimmermann@bgbm.org)

Vertreter der Gattung *Janthinobacterium* beim Bewachsen einer Pilzhyphe. Die netzartigen Strukturen stellen Teile des Biofilms dar. Die Biofilmbildung wird durch Quorum Sensing gesteuert und kann durch Quorum-Quenching-Maßnahmen verhindert werden.



## Sprachstörungen in der Welt der Mikroben

# Quorum Quenching

CHRISTEL VOLLSTEDT | WOLFGANG STREIT

*Bakterien haben eine Art „Sprache“ entwickelt – das Quorum Sensing (QS) – durch die sie in der Lage sind, ihre Artgenossen wahrzunehmen und gemeinschaftlich zu handeln. Viele Prozesse, die zur Pathogenität oder Virulenz von Bakterien führen, werden über Quorum Sensing gesteuert. Unter Quorum Quenching (QQ) versteht man Mechanismen, die diese Sprache und damit das gemeinschaftliche Handeln stören. Quorum Quenching stellt eine vielversprechende Strategie dar, in die Kommunikation von pathogenen Bakterien einzugreifen und dadurch ihre Pathogenität abzuschwächen.*

Die mit einem grünen Pfeil markierten Begriffe werden im Glossar auf Seite 148 erklärt.

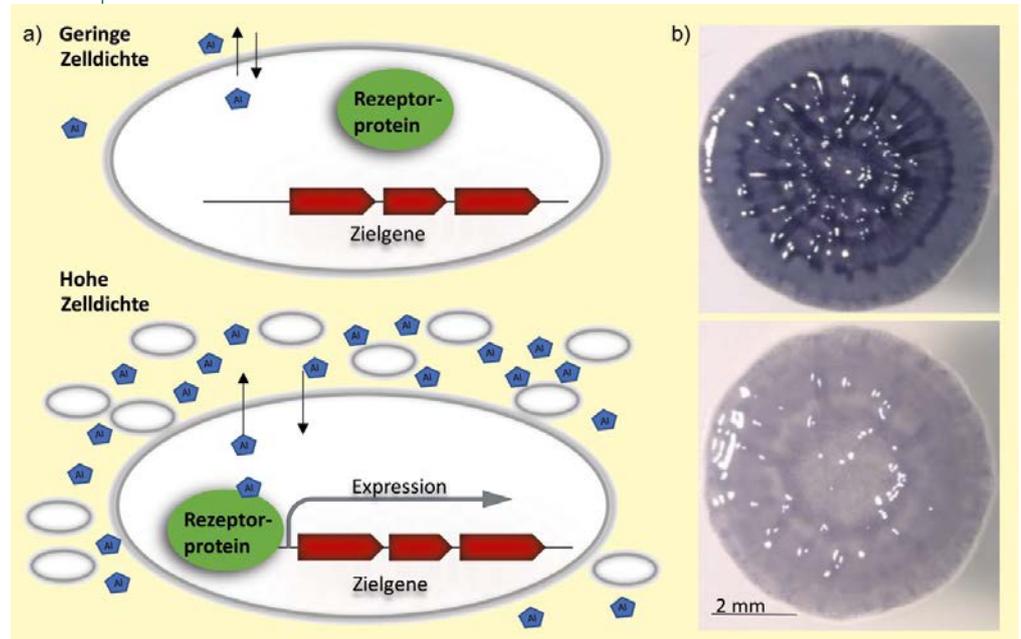
Die Art und Weise wie Bakterien kommunizieren wird als Quorum Sensing (QS) bezeichnet. Bakterielle QS-Systeme bestehen meist aus zwei zentralen Komponenten, einem Rezeptor, dem Signalempfänger und einer Synthese, dem Enzym, das die Signalmoleküle, auch Quorum-Sensing-Signal oder ► Autoinducer (AI) genannt, produziert. Bei einer niedrigen Populationsdichte verteilen sich die von den Bakterien produzierten und nach außen abgegebenen Autoinducer in der Umgebung, ohne von den Nachbarzellen wahrgenommen zu werden. Steigt die Anzahl der Bakterien, akkumulieren diese Signalstoffe im Medium. Ist ein bestimmter Schwellenwert an Signalmolekülen überschritten, wird dies von den Zellen in der Umgebung erkannt, und es kommt zur Expression bestimmter Zielgene (Abbildung 1). Auf diesem Weg können bei steigender Zellzahl eine Reihe von bakteriellen Aktivitäten wie z. B. die Resistenz gegen Antibiotika, die Biofilmbildung, die Biolumineszenz und die Sekretion von ► Virulenzfaktoren reguliert werden [1].

Quorum Sensing ist sowohl bei Gram-negativen als auch bei Gram-positiven Bakterien verbreitet und wurde

erstmals bei dem Meeresbakterium *Aliivibrio (Vibrio) fischeri* beschrieben. In *A. fischeri* wird die Biolumineszenz über QS reguliert. Im Laufe der Evolution hat sich eine Vielzahl unterschiedlicher Mechanismen mit verschiedenen QS-Signalmolekülen entwickelt. Die häufigsten AI-Moleküle sind die N-Acyl-Homoserinlaktone (AHLs) bei Gram-negativen Bakterien. Sie bestehen aus einer Acylkette, die über eine Amidbindung mit einem Homoserinlaktonring verbunden ist (Abbildung 2). Aufgrund der verschiedenen Varianten dieser Verbindungen mit unterschiedlicher Acylkettenlänge und unterschiedlichen Substitutionen dienen die AHLs zur artspezifischen Kommunikation. Im Gegensatz zu den AHLs hat sich mit dem Autoinducer-2 (AI-2) ein AI entwickelt, der die Kommunikation zwischen Organismen unterschiedlicher Arten zulässt. Der AI-2 kommt sowohl bei Gram-negativen als auch bei Gram-positiven Bakterien vor und gilt als eine Art Universalsprache. Die Synthese von AI-2 wurde in einer Reihe von Gram-positiven und Gram-negativen Bakterien, einschließlich der Krankheitserreger *Salmonella typhimurium* und *Vibrio cholerae* sowie beim hyperthermophilen Archaeon *Pyrococcus furiosus* nachgewiesen.

In *Vibrio harveyi* ist der AI-2 z. B. an der Induktion der Biolumineszenz beteiligt. In pathogenen *E. coli*-Stämmen wird die Produktion von Virulenzfaktoren durch AI-2-Moleküle reguliert. Strukturell handelt es sich bei dem AI-2 um einen Furanosylboratdiester, dessen Synthese durch eine S-Ribosylhomocysteinase katalysiert wird (z. B. LuxS). Ein Rezeptor für AI-2-Moleküle wurde in zahlreichen Bakterienspezies identifiziert, was die Vermutung, dass AI-2 zur interspezifischen Kommunikation genutzt wird, bekräftigt [2]. Neben dem AI-2 verwenden Gram-positive Bakterien zur Kommunikation zyklische und lineare Oligopeptide als Signalmoleküle, die sogenannten Autoinducer-Peptide (AIP), die über spezielle Transportsysteme aus der Zelle transportiert werden. Im Zytosol werden die AIPs zunächst als Vorstufen (oder Pro-AIPs) synthetisiert und dann abhängig vom jeweiligen Organismus intrazellulär oder extrazellulär weiter modifiziert [3]. Transmembrane Histidinsensorkinasen detektieren die AIPs nach Erreichen eines bestimmten Schwellenwertes und geben das Signal über ein ► Zweikomponentensystem in die Zelle weiter, wodurch die Expression u. a. von Virulenz-, Kompetenz- und Sporulationsgenen induziert wird. Bei *Staphylococcus*

ABB. 1 | QUORUM SENSING BEI BAKTERIEN



**a) Mechanismus des Quorum Sensing (QS).** Bei geringer Zelldichte liegt der Autoinducer (AI, blau) ebenfalls in geringer Konzentration vor (oben). Das Rezeptorprotein kann die Transkription der Zielgene nicht induzieren. Mit steigender Zellzahl nimmt die Konzentration des Autoinducers zu (unten). Wird ein Schwellenwert (Quorum) überschritten, kommt es zur Bindung des Autoinducers an den Rezeptor, und die Zielgene können transkribiert werden. **b) Einfluss des QS auf die Genexpression in *Janthinobacterium sp.*** Durch die Deletion der Autoinducersynthese können keine Signalmoleküle mehr produziert werden, und die QS-gesteuerte Expression der Zielgene, in diesem Fall des violetten Farbstoffs Violacein, wird reduziert. Die Violaceinproduktion im Wildtypstamm (oben) wird sichtbar in der Verfärbung der Kolonie. In der QS-Mutante (unten) ist dies deutlich reduziert (Aufnahme nach 72-stündigem Wachstum). Außerdem führt das Fehlen des Signalmoleküls zu einem veränderten Koloniewachstum auf Agarplatten, was in den Unterschieden in der Koloniestruktur deutlich wird.

*aureus*, *Enterococcus faecalis*, *Bacillus subtilis*, *Listeria monocytogenes* und *Clostridium perfringens* sind AIP-basierte QS-Systeme gut charakterisiert.

Neben den bereits beschriebenen QS-Signalen wurden weitere Signalmoleküle entdeckt. Das pflanzenassoziierte Bakterium *Xanthomonas campestris* und auch humanpathogene Stämme wie *Pseudomonas aeruginosa* und *Burkholderia cenocepacia*, produzieren *cis*-11-Methyl-2-dodecensäure, den sogenannten Diffusible Signal Factor

#### IN KÜRZE

- Die Sprache der Bakterien wird als **Quorum Sensing** bezeichnet und erfolgt über Signalmoleküle, die Autoinducer genannt werden.
- Erkennen die Bakterien eine ausreichende **Anhäufung der Signalmoleküle** und damit weiterer Artgenossen, werden Prozesse gestartet, die oftmals für den Wirt pathogen sind.
- Diese Prozesse können unterdrückt werden, indem die bakterielle „Unterhaltung“ gestört wird. Dies wird als **Quorum Quenching** bezeichnet.
- Moleküle und Enzyme, die das Quorum Sensing stören, könnten die **Antibiotika der Zukunft** sein und Infektionen vermeiden.

(DSF), um unter anderem den Übergang zwischen einer planktonischen und einer Biofilm-assoziierten Lebensweise zu regulieren. In *P. aeruginosa* wurde neben den herkömmlichen AHL-Signalen auch 2-Heptyl-3-hydroxy-4-chinolon (PQS) als Quorum-Sensing-Signal identifiziert. Es wurde gezeigt, dass PQS die Expression des Virulenzfaktors LasB kontrolliert. Der humanpathogene Erreger *Escherichia coli* (EHEC) O157:H7 produziert ein weiteres QS-Signal, den Autoinducer 3 (AI-3), der maßgeblich an der Expression der Virulenzgene beteiligt ist. Die membran-gebundene Histidinkinase QseC nimmt neben dem AI-3 auch die Wirtshormone Adrenalin und Noradrenalin wahr, was für einen möglichen „Cross-Talk“ zwischen Bakterium und Wirt spricht [4]. In einer kürzlich veröffentlichten Studie wurde gezeigt, dass sich AI-3-Analoga aus Produkten der Threonin-Dehydrogenase (Tdh) sowie unvollständigen ▶ Aminoacyl-tRNA-Synthetase-Reaktionen ableiten und in einer großen Anzahl von Gram-positiven und Gram-negativen Krankheitserregern gebildet werden können [5]. Zusätzlich wurden weitere Signalmoleküle wie Indol, zyklische Dipeptide (2,5-Diketopiperazine, DKP) und 3,5-Dimethylpyrazin-2-ol (DPO) beschrieben, die sich von Aminosäuren ableiten und die Virulenz und Biofilm-

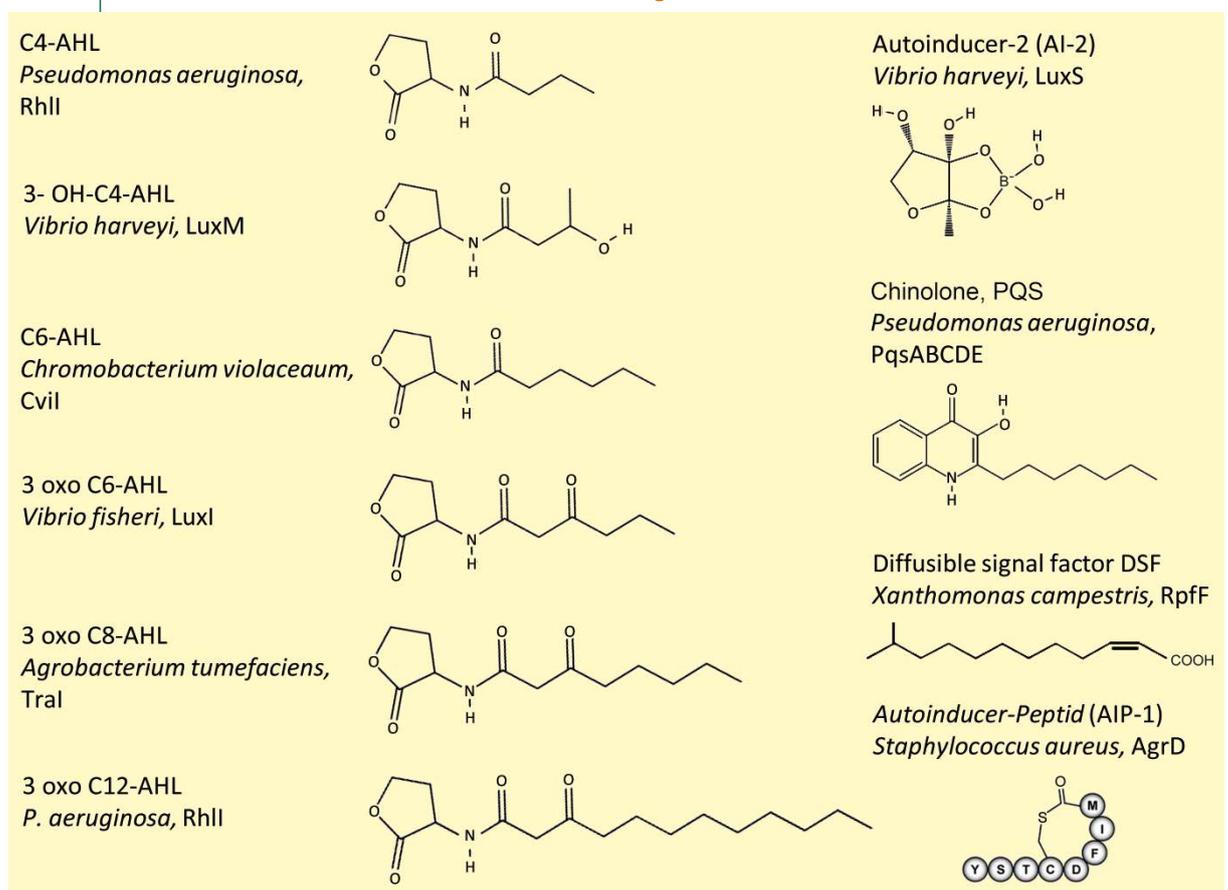
bildung in einigen Organismen verstärken, aber auch reduzieren können.

### Wie die Kommunikation unterbrochen wird: Sprachstörung bei Bakterien

Wird der Prozess des QS gestört, spricht man von Quorum Quenching (QQ). An diesem Prozess können Enzyme oder chemische Komponenten beteiligt sein, die auf unterschiedliche Weise die Kommunikation der Bakterien hemmen. Aufgrund dieser Inhibition wird dann beispielsweise die Sekretion von Virulenzfaktoren, das Infektionsverhalten oder auch die oft unerwünschte Biofilmbildung gehemmt. QQ kann von den Zellen eines mikrobiellen Habitats zum einen dazu genutzt werden, um die eigens produzierten Signalmoleküle wieder abzubauen und zu verwerten, oder um Signalkaskaden von konkurrierenden Organismen zu stören und sich somit einen Wachstumsvorteil zu verschaffen [6]. Da viele Prozesse, die mit der Pathogenität der Bakterien zu tun haben, über Quorum Sensing reguliert werden, ist die Unterbrechung der Signalkaskade durch Enzyme oder chemische Inhibitoren eine geeignete Strategie, um z. B. bestimmte Infektionen zu verhindern. So wird Quorum Quenching zunehmend

Einen Übersichtsartikel zum Quorum Sensing finden Sie in *Biuz* 6/2020.

**ABB. 2 | STRUKTURELLE VIELFALT VON BAKTERIELLEN QUORUM-SENSING-SIGNALMOLEKÜLEN**



Dargestellt sind einige Autoinducer-Signalmoleküle und deren Vorkommen in den unterschiedlichen Organismen mit den dazugehörigen Synthesenzymen.

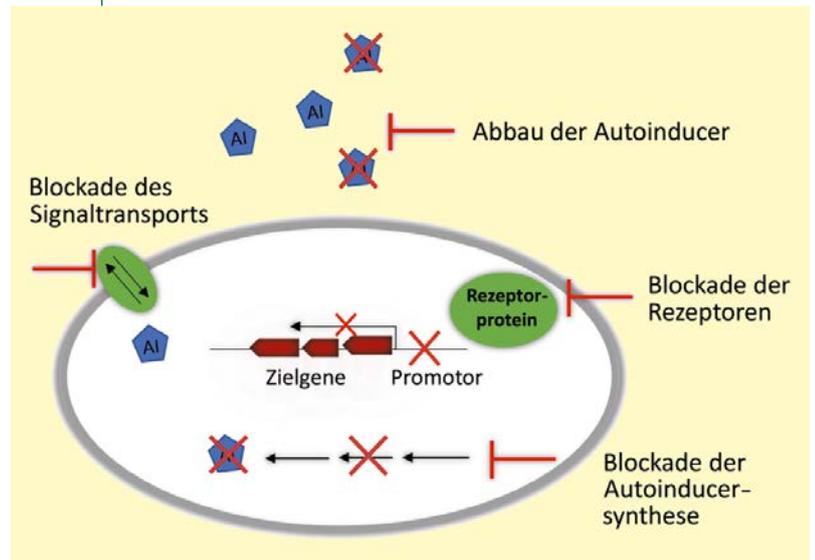
interessanter, um neue Antiinfektionstherapien zu entwickeln. Anders als beim Einsatz von Antibiotika, die auf wachstumsbezogene Prozesse der Organismen abzielen und damit einen hohen Selektionsdruck auf den Organismus ausüben, der zu Antibiotikaresistenzen führen kann, hat die Störung des Quorum Sensing durch Quorum Quenching zwar Auswirkungen auf die Virulenz und die Pathogenität der Organismen, wirkt meist aber nicht tödlich. Quorum Sensing kann in Organismen auf unterschiedliche Art gestört oder unterbrochen werden: durch die Hemmung der Biosynthese des QS-Signals, durch die Blockierung der Rezeptoren, den Transport des QS-Signals und die damit verbundene Weiterleitung sowie durch die Zerstörung des Moleküls selbst (Abbildung 3).

### Blockade der Signalsynthese

Die Unterbrechung der Autoinducersynthese kann durch die Hemmung der Synthese der Vorläufermoleküle oder durch Hemmung der Autoinducersynthese selbst erfolgen. AHLs bestehen im Allgemeinen aus einem Homoserinlaktonting und einer Acylseitenkette mit 4 bis 18 Kohlenstoffatomen (Abbildung 2). S-Adenosylmethionin (SAM) ist das Hauptaminosäuresubstrat für den Homoserinlaktonting, während die Acylkette von einem 6-Kohlenstoff-Acyl-ACP (Acyl-Carrier-Protein) abgeleitet ist. Da SAM und Acyl-ACP essentielle Komponenten des anabolen Stoffwechsels der Organismen sind, ist eine komplette Inhibition für die Zelle tödlich. Das zeigt beispielsweise der Einsatz von Triclosan zur Hemmung der Acyl-ACP-Biosynthese. So ist Triclosan in hohen Dosen für Bakterien tödlich, während es in einer subletalen Konzentration die AHL-Synthese hemmt. Als SAM-Substratanaloga zur Inhibierung der AHL-Synthese sind z. B. Butyryl-S-Adenosylmethionin (butyryl-SAM) und Sinefungin beschrieben. Letzteres wirkt beispielsweise bakteriostatisch gegenüber Pneumokokken und vermindert die Biofilmbildung sowie die Produktion von AI-2. Unterschiedliche Screeningmethoden führten zur Identifizierung neuer Inhibitoren der Autoinducersynthesen.

Im Gram-negativen pflanzenpathogenen Bakterium *Burkholderia glumae*, dem Erreger der Reiskornfäule, ist das QS-System TofI/TofR an der Produktion des Virulenzfaktors Toxoflavin beteiligt. Toxoflavin verursacht neben der Reiskornfäule auch Welkesymptome an verschiedenen Kulturpflanzen wie z. B. Tomate und Paprika. Die gezielte Suche nach AHL-Antagonisten führte zur Identifizierung des TofI-Inhibitors J8-C8, der ein kompetitiver Inhibitor des Acyl-ACP-Carriers ist und die Toxoflavinproduktion unterdrückt. Ein weiteres Screening ergab, dass indolhaltige Moleküle, wie das Tryptophanderivat Indol-3-Essigsäure (das Pflanzenhormon Auxin), die AHL-Synthase BmaI1 aus *Burkholderia mallei* hemmen. An der Synthese des Autoinducer-2 sind zwei Enzyme beteiligt: die Nucleosidase MTAN (auch Pfs genannt) und LuxS. Es konnte gezeigt werden, dass das Enzym MTAN durch den Einsatz unterschiedlicher Immucillin-A-Derivate inhibiert wird. Immucilline sind synthetisch hergestellte Nucleosidana-

ABB. 3 | QUORUM-QUENCHING-MECHANISMEN IN BAKTERIEN



loga, die die AI-2-Produktion unterdrücken können, was wiederum zur Reduktion der Biofilmbildung führt. Die Aktivität von LuxS lässt sich auch noch auf anderem Wege inhibieren. Für verschiedene synthetisch hergestellte LuxS-Substratanaloga wurde gezeigt, dass sie als kompetitive Inhibitoren von LuxS wirken und somit die bakterielle Kommunikation stören. Damit stellen sie eine vielversprechende Klasse antibakterieller Wirkstoffe dar. Auch die Synthese kleiner Peptide, die aufgrund ihrer Homologie an das katalytische Zentrum von LuxS binden, führte zu einer abgeschwächten Virulenz in dem Gram-negativen Pathogen *Edwardsiella tarda*.

Das *Pseudomonas*-Chinolone-Signal (PQS) und 2-Heptyl-4-hydroxychinolin (HHQ) sind an der Produktion der Virulenzfaktoren und der Biofilmbildung in *P. aeruginosa* beteiligt. Es konnte bereits gezeigt werden, dass Derivate der Anthranilsäure die Produktion von HHQ und PQS hemmen. Des Weiteren wurden über ein Screening kleine Moleküle identifiziert, die ein Schlüsselenzym PqsD in der Synthese der Signalmoleküle hemmen, was zu einer starken Reduktion der Biofilmbildung in *P. aeruginosa* führt. Auch das von dem Pilz *Candida albicans* produzierte Farnesol führt bei *P. aeruginosa* zu einer geringeren Produktion von PQS und Pyocyanin. Andere verwandte Isoprenoidverbindungen hemmen die PQS-Produktion schon bei mikromolaren Konzentrationen, was darauf hindeutet, dass verwandte Verbindungen an Interspeziesinteraktionen mit *P. aeruginosa* beteiligt sein könnten. Im Gegensatz zu den Studien, die die Blockierung der Autoinducersynthese in Gram-negativen Bakterien betreffen, ist die Anzahl der Studien in Gram-positiven Organismen eher gering. Die Autoinducer der Gram-positiven Organismen sind modifizierte Oligopeptide. Die Enzyme, die an ihrer Herstellung beteiligt sind, sind ribosomale Proteine und Peptidasen, die für das Wachstum und Überleben der Zel-

len essentiell sind. Unter anderem wurden Strukturanaloga und ein pilzlicher Sekundärmetabolit (das Cyclohexanon Ambuic acid) identifiziert, welche die Biosynthese von zyklischen Peptiden in verschiedenen Gram-positiven Spezies wie *Staphylococcus aureus* oder *Listeria innocua* hemmen.

### Blockierung des Rezeptors

Eine andere wirksame Strategie zur Verminderung der QS-gesteuerten bakteriellen Virulenz und Infektion ist die Inaktivierung von Rezeptoren durch Strukturanaloga der Signalmoleküle. Antagonisten blockieren die Rezeptorbindestelle und verhindern so die Bindung des QS-Signals. Durch die dadurch veränderte Konformation des Signal-Rezeptor-Komplexes kann dieser nicht mehr an die Promotorbereiche seiner Zielgene binden – die Expression wird unterdrückt. Sehr viele natürliche und auch synthetische Moleküle, die QS-Rezeptoren blockieren, wurden bereits identifiziert. Bromierte Furanone gehörten zu den ersten kleinen Molekülen, die als Inhibitoren des Quorum Sensings identifiziert wurden. Bromierte Furanone der Rotalge *Delisea pulchra* binden an verschiedene Rezeptoren, darunter LuxR, und verhindern so ein QS-kontrolliertes Verhalten wie ► Schwärmen bei *Serratia liquefaciens* oder die Biolumineszenz bei *A. fischeri* und *V. harveyi*. In *P. aeruginosa* werden die Rezeptoren LasR und RhlR durch Flavonoide inhibiert, wodurch die Produktion von Virulenzfaktoren unterdrückt wird. Zwei Hydroxyleinheiten am Flavon-A-Ring sind dabei für die starke Hemmung entscheidend [7]. Meta-Brom-Thiolakton (mBTL), ein Derivat des nativen Homoserinlaktons, hemmt sowohl die Produktion des Virulenzfaktors Pyocyanin als auch die Biofilmbildung durch Hemmung der QS-Rezeptoren LasR und RhlR in *P. aeruginosa*. Ebenfalls wurde gezeigt, dass mBTL *Caenorhabditis elegans* und menschliche Lungenepithelzellen vor der Abtötung durch *P. aeruginosa* schützen kann. Ein Screening mehrerer Extrakte aus Pflanzen- und Lebensmittelprodukten auf hemmende Eigenschaften gegenüber des Quorum Sensings von *P. aeruginosa* führte zur Identifizierung von Iberin, einem Isothiocyanat, welches von vielen Pflanzen aus der Familie der *Brassicaceae* produziert wird. Iberin verhindert die Bindung von C4-Homoserinlaktone an den Rezeptor RhlR, wodurch die Expression der durch Quorum Sensing regulierten Gene blockiert wird. Auch synthetisch hergestellte Dihydropyrrolon-(DHP)-Analoge oder Lactamderivate können als QS-Inhibitoren fungieren und die Biofilmbildung inhibieren [8].

Auf der Suche nach Strukturanaloga des AI-2-Moleküls konnten viele Moleküle identifiziert werden, die das Quorum Sensing unterbinden. Verwendete man die synthetischen AI-2-Analoga Isobutyl-DPD bzw. Phenyl-DPD in Kombination mit Antibiotika, führte dies zur nahezu vollständigen Beseitigung bereits vorhandener Biofilme von *E. coli* bzw. *P. aeruginosa*, die zuvor in Mikrofließkammern angezogen worden waren. Die Beseitigung von Bio-

filmen ist für die Medizin eine große Herausforderung. Hier stellt der kombinierte Einsatz von Antibiotika zusammen mit QS-Inhibitoren einen vielversprechenden Ansatz dar. Auch für das *V. harveyi*-Rezeptorprotein LuxP wurden mehrere synthetische DPD- oder AI-2-(S-THMF-Borat)-Analoge identifiziert, die mit dem natürlichen AI-2-Signal um die Bindung an LuxP konkurrieren.

QS-Systeme der Gram-positiven Organismen verwenden typischerweise sezernierte Oligopeptide (AIP) und Zweikomponentensysteme, die aus membrangebundenen Sensorkinaserezeptoren und zyttoplasmatischen ► Transkriptionsfaktoren bestehen, um die Genexpression zu regulieren. Im QS-System von *Staphylococcus aureus* detektiert die Sensorkinase AgrC das AIP-Signal und phosphoryliert den Antwortregulator AgrA, der wiederum in seiner phosphorylierten Form an die Promotorregion der QS-Zielgene binden kann und die Transkription induziert. In einem Hochdurchsatzscreening wurde der Quorum-Sensing-Inhibitor Savirin (*S. aureus* virulence inhibitor) identifiziert. Savirin blockiert die Bindung des Antwortregulators AgrA an die Promoterregion der Zielgene und hemmt damit das Quorum Sensing in *S. aureus*. Auf diese Weise in ihrer Kommunikation gestörte *S. aureus*-Bakterien verursachten im Mausmodell weniger Gewebeschäden als Bakterien, die zum Quorum Sensing in der Lage waren.

Der Gram-positive Mikroorganismus *Clostridium perfringens* verursacht Krankheiten wie den Gasbrand und Lebensmittelvergiftungen beim Menschen. Die Produktion der daran beteiligten Toxine wird durch das Zweikomponentensystem VirSR reguliert. Das QS-Signal ist hierbei ein fünfgliedriges Thiolaktonpeptid. Durch den Austausch zweier Aminosäuren in diesem Molekül, die für die Rezeptorbindung und Signalweiterleitung wichtig sind, konnte die Transkription des Toxingens (*pfoA*) in einem virulenten Stamm von *C. perfringens* abgeschwächt werden [9]. Hochdurchsatzscreenings und computergestützte Suchen nach kleinen Molekülen haben die Liste der bekannten ► Agonisten und ► Antagonisten verschiedener QS-Systeme erweitert. Aufbauend auf den bekannten hemmend wirkenden Verbindungsklassen können jetzt neue inhibitorische Verbindungen entwickelt werden.

### Blockierung des Signaltransports

Autoinducer können entweder frei durch die Zytoplasmamembran diffundieren oder aktiv aus der Zelle transportiert werden, wo sie von membrangebundenen Zweikomponentensystemen erkannt oder durch ABC-Transporter importiert werden. Der opportunistisch-pathogene Mikroorganismus *P. aeruginosa* verpackt das Signalmolekül 2-Heptyl-3-hydroxy-4-chinolon (PQS) in Membranvesikel, die einen Austausch innerhalb einer Population ermöglichen. Stört man diesen Verpackungsvorgang, kann der Autoinducer nicht mehr transportiert werden und ist nahezu unwirksam. In *Escherichia coli* wird der AI-2 nach seinem Transport in die Zelle von der AI-2-Kinase LsrK phosphoryliert. Wird das Enzym LsrK (zusammen mit

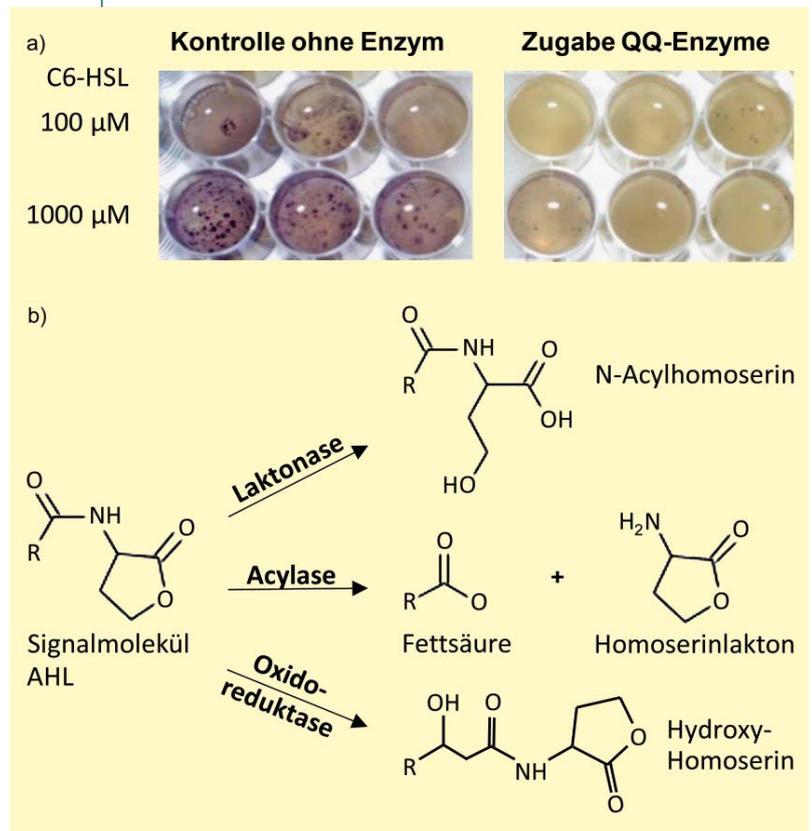
ATP) einer Bakterienkultur zugegeben, phosphoryliert die Kinase extrazelluläre AI-2-Moleküle, die dann aufgrund ihrer negativen Ladung nicht mehr in die Zellen transportiert werden und somit die Expression QS-gesteuerter Gene nicht mehr induzieren können. Antikörper können Quorum-Sensing-Moleküle binden und dadurch den Signaltransport stören. Der Antikörper AP4-24H11 richtet sich beispielsweise gegen AIP-4 aus *S. aureus* und RS2-1G9 gegen 3-oxo-C12-HSL aus *P. aeruginosa*. Auch für das Apolipoprotein B konnte gezeigt werden, dass es AIP-1 aus *S. aureus* binden kann.

### Enzymatische Zerstörung der Signale

Eine sehr gut untersuchte Möglichkeit das bakterielle Quorum Sensing zu stören, ist der Abbau der Signalmoleküle. AHL-Signale können auf mehreren Wegen von Enzymen abgebaut werden. Laktonasen und Decarboxylasen spalten bzw. hydrolysieren den Laktonring. Acylasen und Deaminasen trennen den Homoserinlaktonteil und die Acylseitenkette, während Oxidoreduktasen die AHLs modifizieren, indem sie die Acylkette am dritten oder distalen Kohlenstoff oxidieren bzw. reduzieren, ohne die AHLs abzubauen (Abbildung 4). Enzyme, die AI-2 oder das 2-Alkyl-4-(1H)-Chinolon-Signalmolekül verändern, stellen zwei weitere Enzymfamilien dar, die für das enzymatische Quorum Quenching verantwortlich sind. AHL-abbauende Enzyme sind hinsichtlich ihrer Aminosäuresequenz und ihrer Struktur sehr divers und werden in Bakterien, Archaeen und Eukaryoten gefunden. Der häufigste enzymatische Abbau erfolgt durch AHL-Laktonasen, die in verschiedene Proteinfamilien eingeteilt werden können: Aminohydrolasen, Paraoxonasen und Metallo- $\beta$ -Laktamasen. AHL-abbauende Enzyme wurden erstmals im Jahr 2000 detektiert, als in einem *Bacillus*-Stamm das Gen *aiiA* für ein 250 Aminosäure langes Protein aus der Gruppe der Metallohydrolasen identifiziert wurde, dessen Expression die Pathogenität des Pflanzenschädling *Pectobacterium carotovorum* reduzierte [10]. Da AHLs von Gram-positiven Mikroorganismen wie *Bacillus* zwar nicht gebildet werden, durchaus aber eine antibakterielle Wirkung auf diese haben können, geht man davon aus, dass die Expression von *aiiA* in *Bacillus* zum Abbau der AHLs führt und somit einen detoxifizierenden Effekt hat [11]. Die Laktonase QsdR1 aus *Sinorhizobium fredii* zeigt – wie AiiA – die typische  $\blacktriangleright$ HXHXDH-Zinkbindungsdomäne und kann die  $\blacktriangleright$ Motilität und Biofilmbildung bei *P. aeruginosa* hemmen. Des Weiteren zeigt QsdR1 einen Einfluss auf die kompetitive Besiedlung der Wurzeln in der Rhizosphäre von Kulturen von *Vigna unguiculata*, was auf die Bedeutung von QS für die Wirtsinfektion hindeutet [12].

Kurze Zeit nach der Identifizierung von AiiA wurde ein *Variovorax paradoxus*-Stamm identifiziert, der in der Lage ist, AHL-Moleküle als einzige Energie- und Stickstoffquelle zu nutzen. Das Enzym, das für die Umsetzung verantwortlich ist, ist eine Acylase. AHL-Acylasen spalten AI-Signale an der Amidbindung und setzen die Fettsäure und

ABB. 4 | FUNKTIONSWEISE VON QUORUM-QUENCHING-ENZYMEN



a) Identifizierung von QQ-Enzymen mit Hilfe des Reporterstamms *C. violaceum* CV026. Durch Zugabe von Signalmolekülen wie C6-HSL bildet CV026 einen violetten Farbstoff (Violacein). Wird das Signalmolekül jedoch durch ein QQ-Enzym abgebaut, kann die Violaceinsynthese nicht mehr erfolgen. b) Funktionsweise der unterschiedlichen QQ-Enzyme. Abb. 4a modifiziert nach [16].

den Homoserinlaktone frei. Während die Laktonase-Reaktion in saurer pH-Lösung zur Bildung von AHL umgekehrt werden kann, können die Acylaseprodukte nicht zu funktionellen AHLs regenerieren. Darüber hinaus kann die durch die AHL-Acylase produzierte Fettsäure schnell metabolisiert und das Homoserinlaktone als Stickstoffquelle verwendet werden [13]. In vielen Organismen wie *P. aeruginosa*, *Ralstonia*-Stämmen und *Streptomyces*-Arten wurden weitere AHL-Acylasen gefunden. Auch wenn die AHL-Acylasen strukturell viele Ähnlichkeiten zueinander aufweisen, unterscheiden sie sich doch hinsichtlich ihres Substratspektrums. Während PvdQ aus *P. aeruginosa* und AiiM aus *Streptomyces* sp. keine oder nur sehr geringe Aktivität gegenüber AHLs mit Acylketten kürzer als acht Kohlenstoffatome aufweisen, baut AiiD aus *Ralstonia* sp. effektiv langkettige AHLs und auch kurzkettige AHLs ab, wenn auch mit geringerer Effizienz.

AHL-Oxidoreduktasen modifizieren die 3-Oxo-Gruppe der AHLs und erzeugen entsprechende 3-Hydroxyderivate. Durch diese Modifikation werden die AHL-Signale nicht zerstört; es ändert sich nur die Effizienz, mit der das Signalmolekül von seinem kognitiven Rezeptor erkannt wird.

## GLOSSAR

**Agonist:** Molekül, das durch die Besetzung eines Rezeptors die Signaltransduktion in der zugehörigen Zelle aktiviert. Ein Agonist kann sowohl eine zelleigene Substanz sein, als auch eine nicht-zelleigene Verbindung, die einen bestimmten Signalstoff in seiner Wirkung imitiert bzw. ersetzt.

**Aminoacyl-tRNA-Synthetasen:** Enzyme, die die tRNA (Transfer-RNA) mit der entsprechenden Aminosäure beladen, wodurch Aminoacyl-tRNA entsteht. Der Prozess erfolgt in zwei Schritten. Zunächst wird die Aminosäure unter ATP-Verbrauch zu Aminoacyl-AMP aktiviert. Im nächsten Schritt findet die Übertragung auf die tRNA statt. Für die unterschiedlichen Aminosäuren gibt es jeweils eine spezifische Aminoacyl-tRNA-Synthetase.

**Antagonist:** Molekül, das an einen Rezeptor bindet und die Bindung der natürlich vorkommenden Liganden somit blockiert, wodurch die daraus resultierenden Effekte aufgehoben werden.

**Autoinducer:** Signalmoleküle, die als Reaktion auf Änderungen in der Populationsdichte von den Zellen produziert werden. Mit zunehmender Dichte der Bakterienzellen steigt auch die Konzentration des Autoinducers. Dies führt wiederum zur Expression bestimmter Zielgene.

**Motilität:** Beschreibt die Bewegungsfähigkeit von Organismen und Zellorganellen.

**Schwärmen:** Bezeichnet die gemeinschaftliche Bewegung von Zellen auf Oberflächen. Es dient der Ausbreitung und der Nutzbarmachung von Nährstoffquellen in der Umgebung.

**Signaltransduktion:** Prozess, bei dem ein äußeres Signal von der Zelle wahrgenommen und in das Zellinnere weitergeleitet wird. Auf diesem Weg kommt es zur Umwandlung des Signals und zur Auslösung einer Zellantwort.

**Transkriptionsfaktor:** Protein oder Molekül, das für die Initiation der RNA-Polymerase bei der Transkription von Bedeutung ist. Transkriptionsfaktoren können an Proteine oder direkt an die DNA binden und so den Promotor aktivieren oder reprimieren.

**Virulenzfaktor:** Stoffwechselprodukt oder Strukturelement, das die krankmachende Wirkung von Mikroorganismen hervorruft.

**Zinkbindungsdomäne:** Als Zinkbindungsdomäne wird in einem Protein eine bestimmte Aminosäureanordnung bezeichnet, die die Bindung von Zinkionen ermöglicht. Metalloenzyme wie die Laktanasen benötigen die Bindung dieser Ionen für ihre katalytische Aktivität. Das Zinkbindemotiv der Laktanasen wird im Einbuchstaben-Aminosäurecode als HXHXDH angegeben. Das H steht für die Aminosäure Histidin und das D für Asparaginsäure. Die Stellen, die durch ein X markiert sind, können von unterschiedlichen Aminosäuren besetzt werden.

**Zweikomponentensystem:** Wichtiges System, das der Wahrnehmung und Übertragung von Umweltreizen bei Bakterien dient. Es besteht aus zwei Komponenten, der Sensorkinase und dem Antwortregulator. Die Sensorkinase liegt in der Zellmembran und nimmt den Umweltreiz wahr. Sie leitet den Reiz an den Antwortregulator weiter, der dadurch aktiviert wird. Der Regulator kann nun an Zielpromotoren binden und dadurch eine Reaktion der Zelle auslösen.

BpiB09 ist eine Oxidoreduktase, die die Reduktion von 3-Oxo-HSL zu 3-Hydroxy-HSL katalysiert. Wird das entsprechende Gen für dieses Enzym in *P. aeruginosa* exprimiert, so führt dies zu einer geringeren Produktion von Pyocyanin und zu einer verringerten Motilität und Biofilmbildung [14]. In einer Metagenombank konnte ebenfalls ein Enzym (QQ-2) identifiziert werden, das hohe Ähnlichkeit zu Oxidoreduktasen zeigt. QQ-2 scheint AHL und AI-2-Signalmoleküle zu QS-inaktiven Hydroxyderivaten zu reduzieren. Immobilisiert auf Glasoberflächen hemmt QQ-2 wirksam die Biofilmbildung des Krankheitserregers *Klebsiella oxytoca* sowie von klinischen *K. pneumoniae*-Isolaten aus Patienten mit Harnwegsinfektionen [15].

Angesichts steigender Fälle von im Krankenhaus erworbenen bakteriellen Infektionen und der globalen Prävalenz bakterieller Resistenzen ist die Erforschung neuer Wege zur Bekämpfung bakterieller Infektionen von entscheidender Bedeutung. Der selektive evolutionäre Druck, der durch die Wirkungsweise herkömmlicher Antibiotika auf Bakterien ausgeübt wird, hat zu einem Anstieg und der Ausbreitung von Antibiotikaresistenzen geführt. Neue therapeutische Ansätze zur Bekämpfung bakterieller Infektionen und Resistenzen sind daher erforderlich. Das Quorum Quenching stellt langfristig vermutlich eine sehr gute Alternative zu den bekannten Antibiotikawirkstoffen dar, um mikrobielles Wachstum zu regulieren. Dabei hat es den Vorteil, dass es eben nicht die Zellen tötet, sondern sehr spezifisch in deren Wachstums- und Infektionsprozesse eingreift und diese überschreibt. Vor diesem Hintergrund kann man davon ausgehen, dass QS-spezifische Wirkstoffe grundsätzlich deutlich weniger Nebenwirkungen aufweisen als Antibiotika. Bis diese Wirkstoffe zur Bekämpfung von mikrobiellen Infektionen zum Einsatz gelangen, ist es allerdings noch ein sehr weiter Weg.

## Zusammenfassung

Bakterien sind in der Lage, ihre Artgenossen in der Umgebung über unterschiedliche Signalmoleküle wahrzunehmen und über bestimmte Signalwege auf steigendes Zellwachstum gemeinschaftlich zu reagieren. Bezeichnet wird dieser Vorgang als Quorum Sensing und stellt ein Art bakterielle Sprache dar. Bei pathogenen Organismen führt diese Kommunikation meist zu Prozessen, die für den Wirt, wie z. B. uns Menschen, nicht wünschenswert sind. Zu diesen Prozessen gehört beispielsweise die Biofilmbildung auf Implantaten oder Kathetern, und das Anschalten von Virulenzfaktoren, die zu Lungenentzündungen und vielen weiteren Infektionskrankheiten führen. Bisher versucht man dieser Infektionen durch die Behandlung mit Antibiotika Herr zu werden. Dies führt allerdings nicht selten zur Entstehung von Antibiotikaresistenzen bei den Bakterien. In der Natur gilt jedoch: Wo es Signale gibt, gibt es auch Wege diese zu zerstören. Dieser Vorgang wird als Quorum Quenching (QQ) bezeichnet und stellt einen geeigneten Ansatz dar, um das pathogene Verhalten von Organismen ohne den Einsatz von Antibiotika zu vermindern oder gar zu verhindern.

## Summary

### Speech disorders in the world of microbes

Bacteria are able to sense their conspecifics in the environment via different signalling molecules and to react collectively to increasing cell growth via certain signalling pathways. This process is called Quorum Sensing and is a kind of bacterial language. In pathogenic organisms, this usually leads to processes that are not desirable for the host, such as us humans. These processes include, for example, biofilm formation on implants or catheters as well as induction of virulence factors that enable the development of pneumonia and many other infectious diseases. Until now, treatment with antibiotics has been used to try to control these infections, but this often leads to antibiotic resistance in the bacteria. In nature, however, where there are signals, there are also ways to destroy them. This process is called Quorum Quenching (QQ) and is a suitable approach to reduce or even prevent the pathogenic behaviour of organisms without the use of antibiotics.

## Schlagworte:

Bakterielle Kommunikation, Quorum Sensing, Autoinducer, Signalblockade, Quorum Quenching.

## Literatur

- [1] K. Papenfort, B. L. Bassler (2016). Quorum sensing signal-response systems in Gram-negative bacteria. *Nat. Rev. Microbiol.* 14, 576–88.
- [2] K. B. Xavier, B. L. Bassler (2003). LuxS quorum sensing: more than just a numbers game. *Curr. Opin. Microbiol.* 6, 191–7.
- [3] K. Y. Le, M. Otto (2015). Quorum-sensing regulation in staphylococci – an overview. *Front. Microbiol.* 6, 1174.
- [4] M. M. Kendall, V. Sperandio (2016). What a Dinner Party! Mechanisms and Functions of Interkingdom Signaling in Host-Pathogen Associations. *mBio* 7, e01748.
- [5] C. S. Kim et al. (2020). Characterization of Autoinducer-3 Structure and Biosynthesis in *E. coli*. *ACS Cent. Sci.* 6, 197–206.
- [6] C. Grandclement et al. (2016). Quorum quenching: role in nature and applied developments. *FEMS Microbiol. Rev.* 40, 86–116.
- [7] J. E. Paczkowski et al. (2017). Flavonoids Suppress *Pseudomonas aeruginosa* Virulence through Allosteric Inhibition of Quorum-sensing Receptors. *J. Biol. Chem.* 292, 4064–4076.
- [8] B. Almohaywi et al. (2019). Dihydropyrrones as bacterial quorum sensing inhibitors. *Bioorg. Med. Chem. Lett.* 29, 1054–1059.
- [9] R. P. Singh et al. (2015). Rationale design of quorum-quenching peptides that target the VirSR system of *Clostridium perfringens*. *FEMS Microbiol. Lett.* 362, fnv188.
- [10] Y. H. Dong et al. (2000). AiiA, an enzyme that inactivates the acylhomoserine lactone quorum-sensing signal and attenuates the virulence of *Erwinia carotovora*. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 97, 3526–31.
- [11] G. F. Kaufmann et al. (2005). Revisiting quorum sensing: Discovery of additional chemical and biological functions for 3-oxo-N-acyl-homoserine lactones. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 102, 309–14.

- [12] D. Krysciak et al. (2011). Involvement of multiple loci in quorum quenching of autoinducer I molecules in the nitrogen-fixing symbiont *Rhizobium (Sinorhizobium)* sp. strain NGR234. *Appl. Environ. Microbiol.* 77, 5089–99.
- [13] S. Fetzner (2015). Quorum quenching enzymes. *J. Biotechnol.* 201, 2–14.
- [14] P. Bijtenhoorn et al. (2011). A novel metagenomic short-chain dehydrogenase/reductase attenuates *Pseudomonas aeruginosa* biofilm formation and virulence on *Caenorhabditis elegans*. *PLoS One* 6, e26278.
- [15] N. Weiland-Brauer et al. (2016) Highly Effective Inhibition of Biofilm Formation by the First Metagenome-Derived AI-2 Quenching Enzyme. *Front. Microbiol.* 7, 1098.
- [16] M. J. Valera et al. (2016). GqqA, a novel protein in *Komagataeibacter europaeus* involved in bacterial quorum quenching and cellulose formation. *Microbial Cell Factories.* 15(1).

## Die Autor\*innen



©UHH, RRZ-MCC, Mentz

Christel Vollstedt, Jahrgang 1974, Studium der Biologie und Promotion im Fach Mikrobiologie (2005) an der Georg-August-Universität in Göttingen. Anschließend Postdoktorandin an der Georg-August-Universität in Göttingen und der Universität Duisburg mit Forschungsschwerpunkten in der Genomanalyse. Seit 2006 wissenschaftliche Mitarbeiterin in der Abteilung für Mikrobiologie und Biotechnologie an der Universität Hamburg. Forschungsschwerpunkte sind die Zell-Zell-Kommunikation bei Bakterien sowie die Bildung mikrobieller Biofilme.



©UHH, RRZ-MCC, Mentz

Wolfgang R. Streit, Jahrgang 1964, Studium der Biologie und Promotion im Fach Mikrobiologie (1993) an der Philipps-Universität Marburg. 1994 Postdoc an der Philipps-Universität Marburg und von 1995 bis 1997 an der University of California, Davis (USA). Im Zeitraum von 1997 bis 1998 forschte er an der Universität Bielefeld und leitete im Anschluss bis 2004 eine Arbeitsgruppe an der Georg-August-Universität Göttingen am Institut für Mikrobiologie und Genetik, wo er im Juli 2002 im Fach Mikrobiologie habilitierte. Von 2004 bis 2006 Professor für das Fach Enzymtechnologie an der Universität Duisburg-Essen im Fachbereich Chemie. Seit 2006 Professor für Mikrobiologie und Biotechnologie an der Universität Hamburg. Forschungsschwerpunkte sind neben der bakteriellen Zell-Zell-Kommunikation Themen der Metagenomik und der Biotechnologie.

### Korrespondenz:

Prof. Dr. Wolfgang Streit  
 Institut für Pflanzenwissenschaften und Mikrobiologie  
 Abteilung Mikrobiologie und Biotechnologie  
 Ohnhorststr. 18  
 22609 Hamburg  
 E-Mail: wolfgang.streit@uni-hamburg.de

## Das Karte-Kompass-Prinzip und die Kompassmechanismen

# Das Navigationssystem der Vögel – Teil 1

ROSWITHA UND WOLFGANG WILTSCHKO

*Vögel sind aufgrund ihrer Flugfähigkeit sehr mobil, und daher ist ihr Aktionsraum in der Regel viel ausgedehnter als der von gleich-großen Tiere, die sich laufend oder kriechend fortbewegen. Um sich in diesem großen Gebiet möglichst kraftsparend und effizient zu bewegen – etwa um eine bestimmte Futterquelle, eine Wasserstelle, einen Ruheplatz usw. aufzusuchen – haben Vögel ein komplexes Navigationssystem entwickelt, das sich aus angeborenen und erlernten Komponenten zusammensetzt. Es ist dadurch jeweils ideal an die Umgebung angepasst, in der sie sich orientieren müssen, und erlaubt ihnen flexible Orientierung in einem großen Bereich. Auch ermöglicht es vielen von ihnen, Gebiete zu nutzen, die nur zeitweilig gute Lebensbedingungen bieten, und anschließend wieder andere Regionen aufzusuchen – das Leben der Zugvögel mit sich jahreszeitlich ändernden Heimatgebieten.*

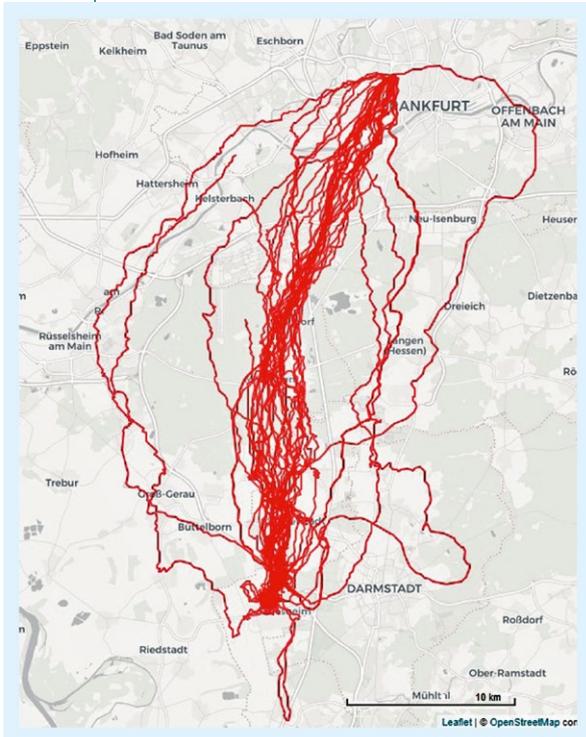


**ABB. 1** Ein „Pfeilstorch.“ Ein Storch kehrte im Frühjahr mit einem Pfeil im Körper zurück, der, wie die Ethnologen herausfanden, afrikanischer Herkunft war (aus [1]).

Es ist schon lange bekannt, dass Vogelarten wie Tauben, wenn sie an einen fremden Ort verfrachtet werden, zu ihrem Heimatort zurückkehren. So hatte man bereits im alten Ägypten und Griechenland Abkömmlinge der Felsentaube (*Columba livia*) zum Haustier gemacht und setzte sie zur Nachrichtenübermittlung ein. Aber auch andere Vögel – z. B. verschiedene Seevögel, Stare, Schwalben und sogar Sperlinge – kehren nach Verfrachtung heim. Die Leistungen der Zugvögel beim Zug zu ihren entfernten Winterquartieren sind noch nicht so lange bekannt. Man wusste zwar, dass viele Vogelarten sich nur im Sommer

bei uns in Europa aufhalten, und erste Hinweise auf afrikanische Winterquartiere ergaben sich aus Berichten von Reisenden und als verletzte Störche Pfeile mitbrachten (Abbildung 1), die nicht aus Europa stammten. Das gewaltige Ausmaß der Zugbewegungen wurde jedoch erst bekannt, als gegen Ende des 19. Jahrhunderts die Vogelbeobachtung einsetzte; die Wiederfunde zeigten grob die Zugrouten und die Winterquartiere der verschiedenen Arten auf. Auch wurde deutlich, dass viele Vögel im Frühjahr in das gleiche Gebiet zurückkehrten, das sie im Herbst verlassen hatten, und oft Jahr für Jahr am selben Ort brüteten.

*Die mit einem grünen Pfeil markierten Begriffe werden im Glossar auf Seite 159 erklärt.*

**ABB. 2 | FLUGWEGE HEIMKEHRENDER BRIEFTAUBEN**


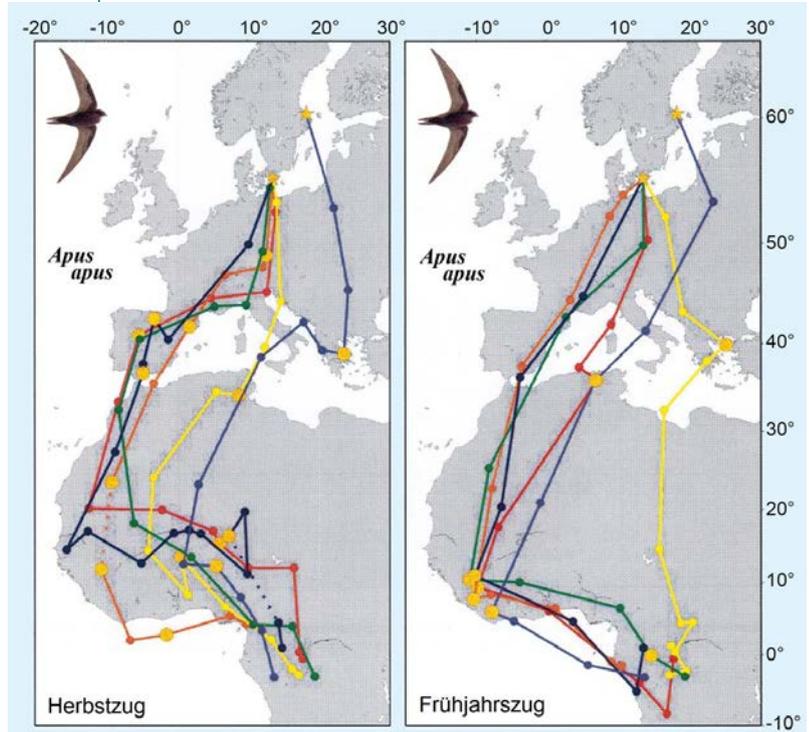
Tauben wurden an einem Ort 28,9 km südlich von ihrem Schlag in Frankfurt aufgelassen. Ihre Flugrouten wurden mit einem GPS-Flugschreiber (s. Kasten „Aufzeichnung von Flugwegen“) mit einem Fix pro Sekunde aufgezeichnet. Die meisten Tauben kehrten auf mehr oder weniger direktem Weg heim; einige wählten dagegen individuelle Routen.

Aber auch ein bewährtes Winterquartier wird von vielen Arten wiederholt aufgesucht [1].

Seit dann gegen Ende des 20. Jahrhunderts Methoden entwickelt wurden, die Flugwege einzelner Individuen aufzuzeichnen (Kasten „Aufzeichnung von Flugwegen“), bekamen wir ein realistischeres Bild von den gewählten Wegen, die in der Regel eine große Individualität aufzeigen: Selbst Vögel mit gleichem Start- und Zielort wählen oft unterschiedliche Routen. Dies zeigt zum Beispiel die Dokumentation der Heimwege von Tauben, die nach Süden verfrachtet und dort einzeln aufgelassen, zu ihrem Schlag nach Frankfurt am Main zurückflogen (Abbildung 2). Das Gleiche gilt für die Zugrouten von schwedischen Mauerseglern in ihr Überwinterungsgebiet in Zentralafrika und zurück (Abbildung 3) [2]. Verschiedene Individuen wählen unterschiedliche Routen, und ihre Routen können im Herbst und im Frühjahr sehr ähnlich sein, aber sich auch deutlich unterscheiden.

### Das Karte-Kompass-Modell

Wie es die Vögel schaffen, nach Verfrachtung an einen fremden Ort an ihren Heimatort zurückzukehren und

**ABB. 3 | ROUTEN SCHWEDISCHER MAUERSEGLER (APUS APUS) INS AFRIKANISCHE WINTERQUARTIER UND ZURÜCK**


Die Flugrouten wurden mit Geolokatoren (s. Kasten „Aufzeichnung von Flugwegen“) aufgezeichnet. Die unterschiedlichen Farben stellen die Flugwege verschiedener Individuen dar; gestrichelt verbinden sie Punkte vor und nach den herbstlichen Tag- und Nachtgleichen, wenn die Ortsangaben sehr ungenau werden. Viele Segler benutzen im Frühjahr ähnliche Routen wie im Herbst, z. B. das Individuum, dessen Wege orange eingezeichnet sind, während andere verschiedene Routen wählten, wie z. B. derjenige, dessen Routen gelb eingezeichnet sind – er flog im Frühjahr wesentlich weiter östlich als im Herbst (nach [2]).

nach Wanderung von mehreren 1000 km ihren Zielort zu finden, war lange unbekannt. Erste Versuche in den 20er Jahren des 20. Jahrhundert zeigten nur, dass Brieftauben, die man auf Umwegen verfrachtet hatte, auf direktem Wege heimkehrten [3]. Die eigentliche Erforschung des Navigationssystems der Vögel begann jedoch erst nach 1950, denn damals wurden zwei Phänomene beschrieben, die

### IN KÜRZE

- Navigation bei Vögeln ist ein **Zwei-Schritt-Prozess**: Zunächst wird der Kurs zum Ziel als Kompassrichtung bestimmt, dann wird er mit Hilfe eines Kompassmechanismus aufgesucht und in eine Flugrichtung umgewandelt.
- Vögel verfügen über einen **angeborenen Magnetkompass**, der auf direkter Wahrnehmung des Magnetfelds beruht, sowie über einen **erlernten Sonnenkompass** und – bisher nur bei nächtlich ziehenden Zugvögeln nachgewiesen – einen **Sternkompass**.
- Auf widersprüchliche Informationen der verschiedenen Kompassmechanismen reagieren die Vögel, indem sie die astronomischen Systeme wieder mit dem Magnetfeld in Einklang bringen, so dass alle Kompassmechanismen die **gleiche Richtungsinformation geben**.

in der Folgezeit als Grundlage für entsprechende Studien dienten: Kramer [4] beschrieb, dass Zugvögel auch in Gefangenschaft zur Zugzeit in Käfigen ihre ► Aktivität in die Zugrichtung konzentrieren, und der Engländer Matthews [5] stellte fest, dass verfrachtete Brieftauben beim Freilassen in der Regel in Richtungen abflogen, die in etwa mit ihrer Heimrichtung übereinstimmten. Dies gilt auch für andere verfrachtete Vögel.

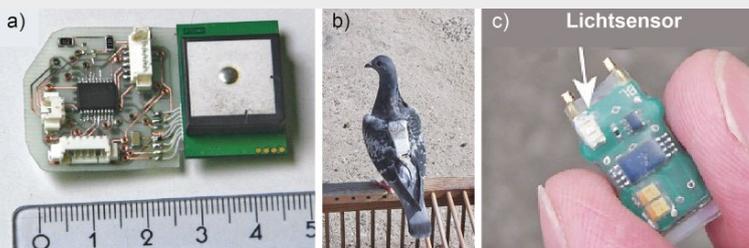
Die bald folgende Entdeckung des Sonnenkompass (siehe unten) veranlasste Kramer [6], das sogenannte „Karte-Kompass-Prinzip“ vorzuschlagen. Es beschreibt die Navigationsvorgänge bei Vögeln als ein Zwei-Schritt-Ver-

fahren: In einem ersten Schritt, dem *Karten-Schritt*, wird der Kompasskurs zum Ziel bestimmt, im zweiten Schritt, dem *Kompass-Schritt*, wird dann dieser Kurs mit Hilfe eines Kompass als Flugrichtung eingeschlagen. Kramer hatte das Karte-Kompass-Prinzip zunächst für das Heimkehren von Brieftauben formuliert, wobei er für den Kompass-Schritt den Sonnenkompass annahm, den einzigen damals bekannten Kompassmechanismus. Der Mechanismus, mit dessen Hilfe die Vögel den Heimkurs bestimmen, war noch unbekannt und blieb offen. Das Karte-Kompass-Prinzip lässt sich allerdings verallgemeinern und auf andere Orientierungsaufgaben übertragen, auch auf die Navigation beim Vogelzug. Heute kennen wir neben dem Sonnenkompass weitere Kompassmechanismen, und auch die Mechanismen zur Bestimmung des Kurswinkels zum Ziel sind in groben Zügen bekannt, wenn auch hier noch viele Fragen offen sind. Wir wollen die verschiedenen Orientierungsmechanismen im Folgenden vorstellen, beginnend mit den Kompassmechanismen (siehe auch Kasten „Brieftauben als Versuchstiere“).

## AUFZEICHNUNG VON FLUGWEGEN

Seit den 80er Jahren des 20. Jahrhunderts sind mehrere Methoden zur Aufzeichnung von Flugwegen entwickelt worden [20]. Die Geräte für die Satellitentelemetrie waren anfangs recht schwer, wurden aber laufend kleiner und leichter. Eine heute verbreitete Methode nutzt das GPS (global positioning system), bei dem Vögeln ein kleiner GPS-Empfänger auf dem Rücken positioniert wird, der in bestimmten Zeitintervallen die Satelliten abfragt und so die geografische Position bestimmt (Fix). Mit Flugschreibern von etwa 25 g (Abbildung) können die Routen von verfrachteten Brieftauben vom Ort ihrer Auffassung zum Schlag aufgezeichnet werden: Das Gerät wird mit einer Batterie betrieben und gibt die Fixes in einen Speicher ein; es wird der Taube nach ihrer Heimkehr abgenommen und die gespeicherten Daten ausgelesen. Bei Zugvögeln, die ja erheblich längere Strecken fliegen, sind Geräte für Satellitentelemetrie bisher nur bei größeren Vögeln wie Greifvögeln, Störchen, aber auch Kuckucken eingesetzt worden. Hier wurden als Stromquelle auch Sonnenkollektoren benutzt. Die Rate der Ortsbestimmungen ist erheblich geringer, und die Geräte sind meist mit einem Sender versehen, der die Daten in bestimmten Abständen an einen Satelliten übermittelt, der sie dann zugänglich macht.

Eine andere Methode, Flugwege aufzuzeichnen, sind die Geolokatoren. Diese Geräte sind mit einer Datumsanzeige und einer sehr präzise gehenden Uhr ausgestattet und messen die Tageslänge, deren Beginn und Ende gespeichert wird. Aus dem Datum und der Dauer der Tageslänge lässt sich auf die geografische Breite schließen, aus der Mitte der Tageslänge auf die geografische Länge. Die Geolokatoren sind erheblich kleiner als die GPS-Geräte (Abbildung) und können auch von kleineren Vögeln getragen werden, wie z. B. Mauerseglern (siehe Abbildung 3). Ein gewisser Nachteil ist allerdings, dass man den Vogel wieder fangen muss, um die Daten auszulesen. Auch wird die Ortsbestimmung zu Zeit der Tag- und Nachtgleichen im März und September, wenn die Tage überall 12 Stunden lang sind, für einige Tage ziemlich ungenau bis unmöglich. Die Technik zum Aufzeichnen von Flugwegen wird laufend weiter verfeinert, und man kann auf die zukünftigen Ergebnisse gespannt sein.



**a) GPS-Flugschreiber für Tauben: Empfänger mit Patch-Antenne; Gesamtgewicht mit Batterie und Verpackung etwa 30 g. b) Taube, die den verpackten Flugschreiber auf dem Rücken trägt. c) Geolokator: Er wiegt weniger als 1 g und kann auch von kleineren Vögeln wie Mauerseglern und Singvögeln getragen werden.** Fotos: a–b) I. Schiffner, c) F. Bairlein.

## Bekannte Kompassmechanismen

Ein Kompass zeigt unabhängig vom Ort Richtungen an. Bei Vögeln sind drei Kompassmechanismen bekannt, nämlich der *Magnetkompass*, der dem Magnetfeld der Erde Richtungsinformation entnimmt, und die beiden astronomischen Mechanismen: der *Sonnenkompass*, der aus dem Sonnenstand Richtungen bestimmt, und der *Sternkompass*, der Richtungen aus den Sternen ableitet. Während der Magnetkompass jederzeit zur Verfügung steht, sind die astronomischen Kompassmechanismen an die jewei-

## BRIEFTAUBEN ALS VERSUCHSTIERE

Viele der hier beschriebenen Erkenntnisse wurden in Versuchen mit Brieftauben gewonnen – einem Vogel, den die Menschen seit Jahrtausenden als Haustier halten. Brieftauben werden gern zu Orientierungsversuchen benutzt wegen ihrer leichten Verfügbarkeit, weil sie die Behandlung durch Menschen gewöhnt sind und weil ihre Heimkehr zuverlässig festgestellt werden kann. Es stellt sich die Frage, ob man die an Brieftauben gewonnenen Befunde auf wildlebende Vögel übertragen kann. Wir gehen davon aus, dass Brieftauben durchaus ein gutes Modell für die Navigation bei Vögeln allgemein darstellen, denn die Domestikation dürfte sich wenig auf das Orientierungsverhalten ausgewirkt haben. Die Anforderungen an das Navigationsvermögen sind eher gering, denn die Tauben werden in der Regel im Schwarm aufgelassen, und die Selektion durch Taubenzüchter begünstigt schnelles Fliegen und das Überspringen von anderen. Zudem zeigen wildlebende Vögel in entsprechenden Versuchen das gleiche Verhalten: Auch Uferschwalben, Sturmtaucher und andere verfrachtete Vögel fliegen meist in Heimrichtung ab und weisen an manchen Orten die gleiche Abweichung von der Heimrichtung wie Brieftauben auf (siehe Abbildung 11 im Teil 2). Letzteres spricht dafür, dass sie auf die gleiche Weise vorgehen.

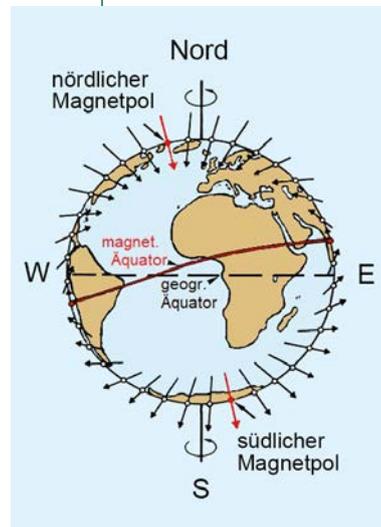
lige Tageszeit gebunden; außerdem können sie bei dichter Bewölkung, wenn die Sonne oder die Sterne nicht sichtbar sind, nicht benutzt werden.

### Der Magnetkompass

Die Erde ist von einem Magnetfeld umgeben. Die Feldlinien verlassen die Erde am südlichen Pol, laufen um die Erde herum und treten am nördlichen Pol wieder ein (Abbildung 4). Die Neigung der Feldlinien gegenüber der Horizontalen, die *Inklination*, ändert sich dabei stetig. Wo die Feldlinien horizontal verlaufen, ergibt sich der magnetischen Äquator. Die Feldstärke des Erdmagnetfelds ist an den Polen am stärksten und nimmt zum Äquator hin kontinuierlich ab (Kasten „Magnetfelder“).

Vögel können das Erdmagnetfeld zum Richtungsfinden benutzen. Ihr Magnetkompass wurde 1965 zunächst bei Zugvögeln nachgewiesen: So richteten sich Rotkehlchen (*Eritbacus rubecula*) während der Zugzeit in runden Käfigen (Abbildung 5a) bevorzugt in ihrer Zugrichtung aus und streben im Herbst in südliche, im Frühjahr in nördliche Richtungen. Wenn die Nordrichtung des lokalen Magnet-

**ABB. 4 | DAS MAGNETFELD DER ERDE**



**Die magnetischen Pole sind durch rote Pfeile symbolisiert, der magnetische Äquator durch eine rote Linie. Die Pfeile entsprechen den magnetischen Feldlinien, ihr Schnittwinkel mit der Erdoberfläche stellt die Neigung der Feldlinien am jeweiligen Ort, die lokale Inklination, dar. Die Länge der Pfeile entspricht der jeweiligen Feldstärke; sie nimmt von den magnetischen Polen zum magnetischen Äquator hin ab (siehe Kasten „Magnetfelder“).**

felds mit Hilfe von Spulen (Kasten „Magnetfelder“) bei konstanter Feldstärke und Inklination gedreht wird, ändern die Vögel ihre Richtung entsprechend (Abbildung 5b, c) [7].

Inzwischen ist ein Magnetkompass bei mehr als 20 Vogelarten aus verschiedenen Ordnungen nachgewiesen. Die meisten Arten sind Zugvögel, was vor allem daher kommt, dass bei ihnen die spontanen Richtungstendenzen während der Zugzeit eine sehr gute Grundlage bieten, das Orientierungsverhalten zu untersuchen. Aber der Magnetkompass ist keineswegs auf Zugvögel beschränkt. Bei nicht-ziehenden Arten, wie z. B. der Brieftaube (*Columba livia domestica*), dem Haushuhn (*Gallus gallus domesticus*) und dem Zebrafinken (*Taeniopygia guttata*), einer australischen Prachtfinkenart, konnte man durch Richtungsdressur zeigen, dass auch sie einen Magnetkompass besitzen. Wir gehen heute davon aus, dass dieser bei Vögeln allgemein verbreitet ist.

Die weitere Analyse des Magnetkompass der Vögel – meist an Rotkehlchen durchgeführt – zeigte, dass er ganz anders funktioniert als unser

### MAGNETFELDER

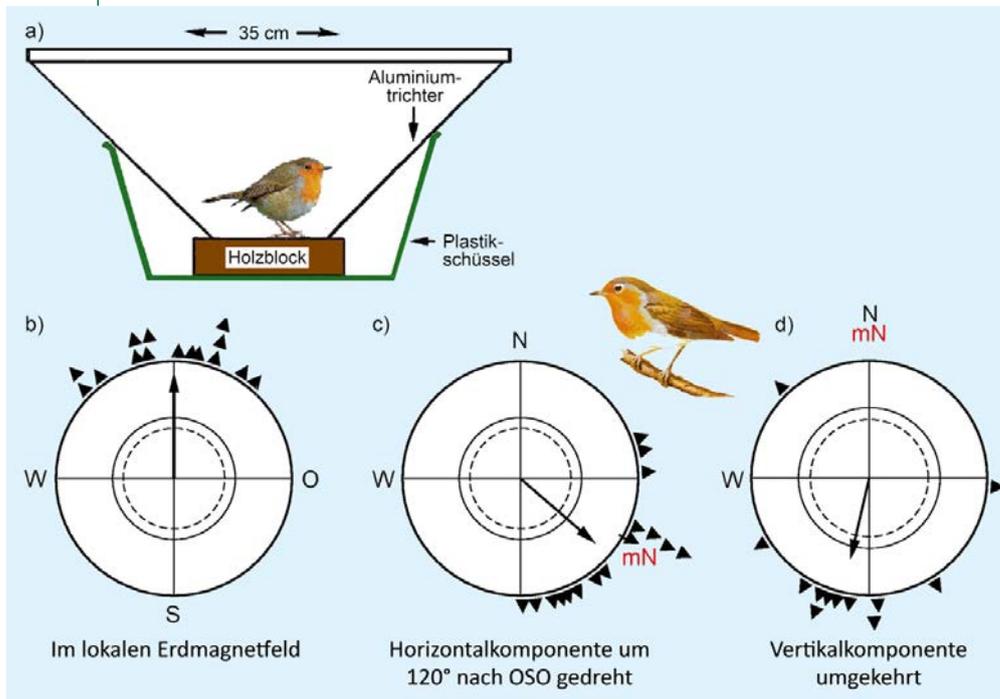
Das Erdmagnetfeld wird größtenteils von der Erde selbst erzeugt. Die beiden magnetischen Pole liegen in der Nähe der Rotationspole, sind aber nicht mit diesen identisch. Die Feldlinien verlassen die Erde am südlichen Pol (einem physikalischen Nordpol), laufen um die Erde herum und treten am nördlichen Pol wieder ein. Die Neigung der Feldlinie gegenüber der Horizontalen wird als Inklination bezeichnet. Sie ist am südlichen magnetischen Pol  $-90^\circ$ , am magnetischen Äquator  $0^\circ$  – hier verlaufen die Feldlinien horizontal, parallel zur Erdoberfläche – und am nördlichen magnetischen Pol  $+90^\circ$  (Abbildung 4). Die Abweichung der magnetischen Nordrichtung von der wahren (geografischen) Nordrichtung ist die Deklination oder Missweisung. Die Feldstärke (Intensität) des Erdmagnetfelds ist an den Polen mit etwa  $60 \mu\text{T}$  (microTesla) am stärksten und nimmt zum Äquator hin ab (durch die Länge der Pfeile in Abbildung 4 symbolisiert); an der Ostküste Südamerikas erreicht sie mit etwa  $23 \mu\text{T}$  ein Minimum. In Frankfurt am Main ( $50^\circ 08' \text{N}$ ,  $8^\circ 40' \text{E}$ ) betragen die entsprechenden Werte zur Zeit  $+65^\circ$  Inklination bei einer Feldstärke von  $47 \mu\text{T}$ , die Missweisung etwa  $2^\circ$  Ost.

Das regelmäßige Magnetfeld wird von räumlichen und zeitlichen Unregelmäßigkeiten überlagert. Die räumlichen Anomalien entstehen durch Vulkanismus, Ablagerungen von mag-

netischem Gestein, Erzen usw. im Boden, die zeitlichen Schwankungen durch elektromagnetische Strahlung von der Sonne auf die sonnenzugewandte Seite der Erde. Letztere fallen in den mittleren Breiten meist in Größenordnungen von bis zu etwa  $50 \text{ nT}$  (nanoTesla); Sonnenfleckenaktivitäten und Eruptionen auf der Sonne führen zu magnetischen Stürmen, die stärkere Schwankungen mit sich bringen [21]. Dazu kommen langfristige stetige Änderungen des Erdmagnetfelds: Diese Säkularvariation bedingt eine allmähliche Änderung der Feldstärke, Inklination und Deklination. Dazu kommen Umpolungen des Magnetfelds; die letzte fand vermutlich vor etwa 730 000 Jahren statt.

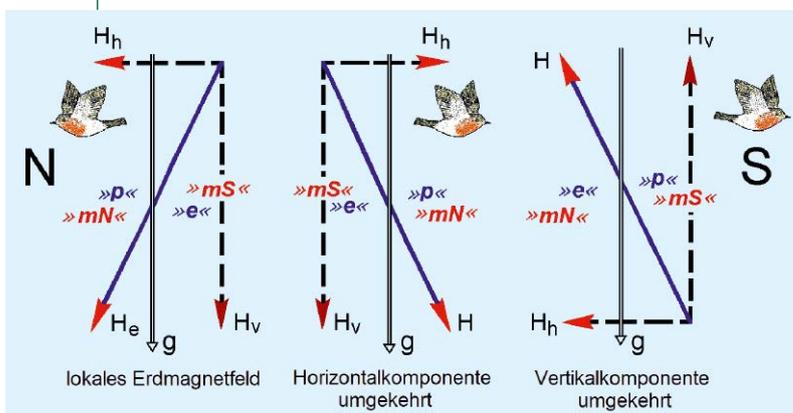
Um Vögel in einem geänderten Magnetfeld zu testen, muss mit Hilfe eines Spulensystems [22] ein künstliches Magnetfeld erzeugt werden, das sich dann zum lokalen Erdmagnetfeld addiert. Bei entsprechender Ausrichtung der Spulennachse kann man so das gewünschte Testfeld herstellen. Um den Vögeln magnetische Richtungsinformation zu entziehen, genügt es, die Horizontalkomponente des Erdmagnetfelds mit einem in Gegenrichtung gerichteten gleichstarken Feld zu kompensieren. Das resultierende Feld ist dann senkrecht nach unten (auf der Südhalbkugel nach oben) gerichtet und gibt so keine Richtungsinformation mehr.

ABB. 5 | MAGNETKOMPASS UND SEINE FUNKTION ALS „INKLINATIONSKOMPASS“



a) Trichterförmiger Testkäfig zum Erfassen der Richtungstendenz; der Aluminiumtrichter ist mit Thermopapier ausgelegt, auf dem die Vögel Spuren hinterlassen, b–d) Rotkehlchen wurden während des Frühjahrszuges in drei magnetischen Bedingungen getestet: b) als Kontrollen im lokalen Erdmagnetfeld, c) in einem Feld, dessen Horizontalkomponente gedreht war, während Feldstärke und Inklination gleich blieben, und d) in einem Feld, bei dem die Vertikalkomponente umgekehrt war, während Nordrichtung und Feldstärke gleich blieben (s. auch Abbildung 6). Die Reaktion der Vögel im Vergleich zu der im Erdmagnetfeld zeigt, dass sie ihre Aktivität nach der Richtung des Magnetfelds ausrichten und die Polarität des Magnetfelds nicht wahrnehmen ([nach [7]). Die Dreiecke stellen den Mittelwert aus jeweils 3 Versuchen pro Vogel dar, der innere Pfeil gibt jeweils die mittleren Vektoren an (siehe Kästen „Kreisverteilungen“).

ABB. 6 | SCHEMA INKLINATIONSKOMPASS DER VÖGEL



Querschnitt durch das Magnetfeld, von Westen aus gesehen. N, S, geografisch Nord und Süd. Der blaue Pfeil symbolisiert den Verlauf der Feldlinien ( $H_e$  im Erdmagnetfeld,  $H$  in den beiden Testfeldern),  $H_h$ ,  $H_v$ , Horizontal- und Vertikal-komponenten der Felder. Die roten Pfeilspitzen zeigen die Polarität;  $g$ , Richtung der Schwerkraft.  $\gg mN \ll$ ,  $\gg mS \ll$ , magnetisch Nord und Süd, Richtungsangaben, die auf der Polarität beruhen;  $\gg p \ll$ ,  $\gg e \ll$ , polwärts und äquatorwärts, Richtungsangaben des Inklinationskompass, die auf der Neigung der Feldlinien beruhen. Der Vogel gibt jeweils die Richtung an, in der die Vögel ihre Frühjahrszugrichtung suchen (nach [8]).

technischer Kompass. Drei Eigenschaften waren recht überraschend:

### (1) Inklinationskompass

Der Magnetkompass der Vögel ist ein sogenannter Inklinationskompass. Vögel können die Polarität des Magnetfelds offensichtlich nicht wahrnehmen, sondern sie orientieren sich am axialen Verlauf der Feldlinien und deren Neigung im Raum. Wird die Vertikalkomponente des Magnetfelds umgekehrt, so kehren auch die Vögel ihre Richtung um (Abbildungen 5b, d), obgleich die Nordrichtung erhalten bleibt und unser technischer Kompass keine andere Richtung anzeigt. Der Verlauf der Feldlinien hat sich jedoch geändert, denn sie weisen jetzt nach oben (Abbildung 6); sie entsprechen damit einem Feld der Südhalbkugel (siehe Abbildung 4). Die Vögel unterscheiden also nicht, wie wir aufgrund der Polarität, zwischen „magnetisch Nord“ und „magnetisch Süd“, sondern zwischen „polwärts“, wo die Feldlinien nach unten geneigt sind, und „äquatorwärts“, wo sie nach oben zeigen [8].

Ein Inklinationskompass ist bisher bei allen daraufhin untersuchten Vogelarten nachgewiesen worden, sogar bei Brieftauben in Verfrachtungsversuchen: Die Tauben trugen

dafür eine kleine batteriebetriebene Spule um den Kopf (Abbildung 7a). Wenn der Strom so gepolt war, dass die Vertikalkomponente des Magnetfelds nach oben wies (N aufwärts), kehrten die Tauben unter bedecktem Himmel ihre Abflugrichtung um (Abbildung 7c) [9].

Am magnetischen Äquator, wo die Feldlinien waagrecht verlaufen, wird der Magnetkompass zweideutig, und Zugvögel, die über den magnetischen Äquator ziehen wie z. B. die Gartengrasmücke (*Sylvia borin*), müssen ihre Zugrichtung dort von „äquatorwärts“ in „polwärts“ ändern, um weiter nach Süden zu ziehen, im Frühjahr auf dem Rückzug entsprechend andersherum. Versuche haben gezeigt, dass der Aufenthalt in einem horizontalen Magnetfeld selbst als Auslöser für diese „Richtungsänderung“ wirkt [8]. Die Umpolungen des Erdmagnetfelds, die in der Erdgeschichte mehrfach stattfanden, beeinträchtigten den Inklinationskompass dagegen nicht.

### (2) Biologisches Fenster

Der Magnetkompass der Vögel funktioniert nur in einem biologischen Fenster um die Stärke des lokalen Erdmagnetfelds. Feldstärkenänderungen von etwa 25 Prozent

nach unten und nach oben führen zunächst zu Desorientierung. Allerdings ist dieses biologische Fenster flexibel: Rotkehlchen, die für eine Weile in Feldern außerhalb des biologischen Fensters gehalten wurden, konnten sich dann auch in den entsprechenden schwächeren oder stärkeren Feldern orientieren [8]. Dabei handelt es sich nicht um eine Verschiebung oder Erweiterung des biologischen Fensters, denn die Vögel, die an Feldstärken dreimal so stark wie das Erdmagnetfeld gewöhnt waren, konnten sich weiterhin im lokalen Erdmagnetfeld orientieren, aber nicht bei dazwischenliegenden Feldstärken. Es scheint, als ob der Aufenthalt in einer Feldstärke außerhalb des biologischen Fensters dort ein neues Fenster induziert. Diese Flexibilität des biologischen Fensters kommt den Zugvögeln zugute: Auf ihrem langen Flug nach Süden erreichen sie Gebiete mit niedrigeren Feldstärken und können sich langsam an die dortigen Verhältnisse gewöhnen. Ein biologisches Fenster ist erst bei wenigen Vogelarten untersucht und nachgewiesen worden, allerdings bei so verschiedenen Entwicklungslinien wie Singvögeln und Haushühnern, so dass wir annehmen, dass es eine allgemeine Eigenschaft des Magnetkompasses der Vögel darstellt [8].

### (3) Lichtabhängigkeit

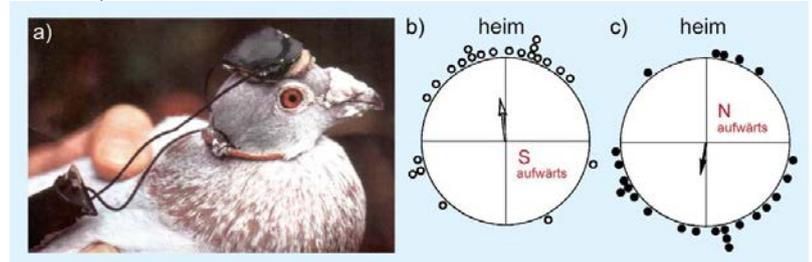
Der Inklinationskompass der Vögel funktioniert nur bei Licht aus dem kurzwelligen Bereich, von etwa 370 nm (ultraviolett) bis etwa 565 nm (grün). Die Lichtmenge, die dabei benötigt wird, ist jedoch sehr gering und dürfte auch bei nicht völlig bedeckten Nächten vorhanden sein. Auch diese Eigenschaft ist bei verschiedenen Vogelarten nachgewiesen [8].

Diese Charakteristiken des Magnetkompass leiten sich aus dem speziellen Wahrnehmungsmechanismus ab. Man nimmt an, dass Vögel das Magnetfeld über ► spin-chemische Prozesse in lichtempfindlichen Makromolekülen (Cryptochromen) wahrnehmen, die im Auge lokalisiert sind. Dies würde zu einem Aktionsmuster auf der Netzhaut führen, das zentralsymmetrisch zur Achse der Feldlinien entsteht und so den Vögeln Richtungen angibt [10]. Dieses Modell wird durch zahlreiche Versuche mit verschiedenen Arten unterstützt [11]. Da z. B. Hühner und Singvögel, deren Entwicklungslinien Galloanseres und Neoaves sich bereits vor mehr als 90 Millionen Jahren in der Kreidezeit getrennt haben, den gleichen Typ Magnetkompass besitzen, gehen wir davon aus, dass dieser bereits bei den Ahnen der Vögel entwickelt wurde und dass alle Vögel auf die gleiche Weise Richtungen aus dem Erdmagnetfeld ableiten können. Allerdings gibt es Hinweise, dass andere Wirbeltiere das Magnetfeld auf andere Weise wahrnehmen [11].

### Der Sonnenkompass

Den ersten Hinweis auf die Rolle der Sonne bei der Orientierung der Vögel gab der Spiegelversuch, den Kramer 1950 durchführte [12]: Ein Star (*Sturnus vulgaris*) hielt

ABB. 7 | NACHWEIS DES INKLINATIONSKOMPASS BEI BRIEFSTAUBEN



a) Taube mit Spulen um den Kopf; je nach Polung der Batterie auf dem Rücken kann die Vertikalkomponente des erzeugten Magnetfelds nach unten (Süd aufwärts) oder nach oben (Nord aufwärts) gepolt werden. b, c) Abflugrichtungen der Tauben unter bedecktem Himmel bei unterschiedlicher Polung. Die Punkte an der Peripherie des Kreises geben Abflugrichtungen einzelner Tauben im Bezug zur Heimrichtung an, die Pfeile die mittleren Vektoren (s. Kasten „Kreisverteilungen“). Foto a: C. Walcott, Abb b, c: nach [9].

in einem runden Käfig eine konstante Richtung ein (Abbildung 8a). Als man Spiegel so vor die sechs Fenster setzte, dass sie das Licht um 90° ablenkten, änderte der Vogel seine Richtung entsprechend (Abbildung 8b).

Im Gegensatz zum Magnetkompass, bei dem die Vögel Richtungen direkt wahrnehmen können, erfordern die astronomischen Kompassmechanismen, dass die Vögel die Stellung der Himmelskörper interpretieren. Die Erdumdrehung bewirkt, dass diese scheinbar von Ost nach West über den Himmel wandern. Um aus der Sonnenstellung Richtungen ableiten zu können, muss die Tageszeit

### KREISVERTEILUNGEN

Orientierungsdaten, wie die Verschwinderichtungen einzeln aufgellassener Briefstauben oder die Richtungswahlen von Zugvögeln in Käfigen, sind kreisverteilt. Um die Verteilung zu charakterisieren, wird der mittlere Vektor berechnet. Aus den  $n$  Werten  $\alpha_i$  ergibt sich seine Richtung, die Mittelrichtung  $\alpha_m$ , nach der Formel

$$\alpha_m = \arctan \frac{\sum \sin \alpha_i}{\sum \cos \alpha_i}$$

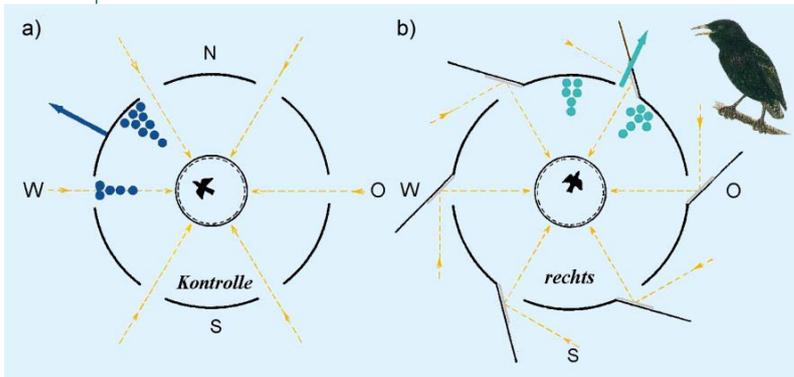
Seine Länge  $r_m$  berechnet sich nach

$$r_m = \frac{1}{n} \sqrt{(\sum \sin \alpha_i)^2 + (\sum \cos \alpha_i)^2}$$

Die Länge des mittleren Vektors wird in Datenabbildungen in der Regel in Bezug auf den Radius des Kreises aufgetragen. Sie spiegelt die Güte der Orientierung wider: Sie wäre 0, wenn die Werte völlig gleichmäßig um den Kreis verteilt sind, und wird umso länger, je mehr die Werte sich in einer Richtung häufen. Liegen sie alle in der gleichen Richtung, wäre sie 1 und erreichte den Kreis.

In Abhängigkeit von  $n$ , der Zahl der Werte, gibt es jeweils eine Vektorlänge, ab der man orientiertes Verhalten annehmen darf. Die Irrtumswahrscheinlichkeit von 5% und 1% für diese Annahme wird oft durch innere Kreise angegeben. Ragt der mittlere Vektor darüber hinaus, darf man annehmen, dass sich die Vögel orientieren konnten.

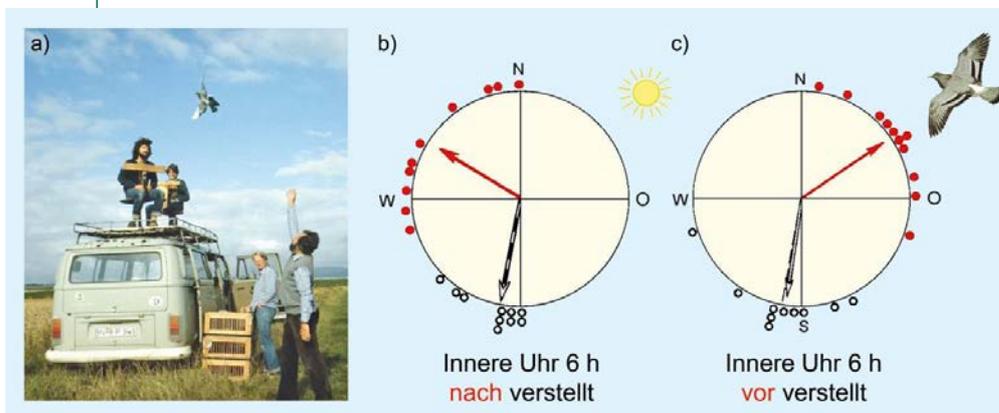
**ABB. 8 | KRAMERS KLASSISCHER SPIEGELVERSUCH**



**a) Kontrolle bei normal einfallendem Tageslicht. b) Spiegel lenkten das einfallende Tageslicht um 90° nach rechts um; der Star ändert seine Richtungstendenzen entsprechend. Die Punkte zeigen die Richtungswahlen des Stars, die äußeren Pfeile geben die Mittelrichtungen an (nach [12]).**

berücksichtigt werden. Darauf basieren die späteren Versuche zum Sonnenkompass. Das Zeitgefühl – die *Innere Uhr* – wird durch Sonnenaufgang und Sonnenuntergang bestimmt. Für sogenannte Zeitumstellungsversuche hält man Vögel für mindestens 5 Tage in einem geschlossenen Raum, in dem die Hellphase zeitverschoben ist, z. B. 6 Stunden früher beginnt und endet als in der Natur. Dies verstellt die Innere Uhr der Vögel. Werden diese dann bei Sonne aufgelassen, schätzen sie die Sonnenstellung falsch ein und fliegen in Richtungen ab, die sich deutlich von denen unbehandelter Kontrollvögel unterscheiden [13]. Eine Nachverstellung der Inneren Uhr bewirkt in unseren Breiten eine Abweichung im Uhrzeigersinn, eine Vorverstellung eine im Gegenuhrzeigersinn (Abbildung 9). Auf der Südhalbkugel, wo die Sonne im Norden kulminiert, ist das entsprechend umgekehrt.

**ABB. 9 | NACHWEIS DES SONNENKOMPASSES**



**Untersucht wurde die Wirkung von Zeitumstellung auf die Orientierung von Tauben. a) Eine Taube wird aufgelassen, und ihr Abflug anschließend von zwei Beobachtern mit guten Ferngläsern beobachtet, bis sie nicht mehr zu sehen ist. b, c) Abflugrichtungen von Tauben, die 42 km nördlich von ihrem Schlag einzeln aufgelassen wurden; die Heimrichtung 192° ist gestrichelt. Die Symbole an der Peripherie der Kreise stellen die Abflugrichtungen einzelner Tauben dar, die Pfeile die entsprechenden mittleren Vektoren. Offene Symbole: Kontrolltauben aus dem normalen Tag, rote Symbole: zeitverstellte Versuchstauben. Foto a: R. Wiltschko.**

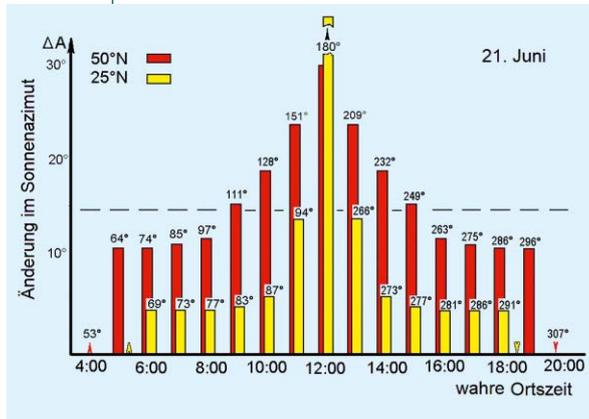
Bei den Versuchen zeigte sich, dass die Vögel offensichtlich nur die Richtung der Sonne – das *Sonnenazimut* – berücksichtigen und die *Sonnenhöhe* ignorieren [6]. Vorverstellte Tauben, die an ihrem subjektiven Mittag aufgelassen wurden, hätten einen hohen Sonnenstand erwarten müssen; stattdessen stand die Sonne knapp über dem Horizont. Dies ignorierten die Tauben und flogen mit der erwarteten Abweichung ab (Abbildung 9c).

Das *Sonnenazimut* ändert sich aber im Laufe des Tages nicht gleichmäßig (Abbildung 10), sondern morgens und abends, wenn die Sonne rasch an Höhe gewinnt bzw. verliert, viel langsamer als in der Mittagszeit, wenn sie hoch am Himmel steht. Zudem ist die *Sonnenbahn* stark von der geografischen Breite abhängig (Abbildung 11). Um eine gute Orientierung zu gewährleisten, müssen die Vögel also den Gang der Sonne genau kennen, und der *Sonnenkompass* muss an den Ort angepasst sein, an dem die Vögel ihn benutzen. Dies wird dadurch gewährleistet, dass der *Sonnenkompass* erlernt wird. Junge Vögel beobachten die *Sonnenbahn*, prägen sie sich ein und verbinden sie mit der Zeitangabe ihrer Inneren Uhr. Der *Magnetkompass* dient dabei als Referenzsystem, gegenüber dem die *Wanderung* der Sonne gemessen wird. Bei jungen *Brieftauben* – sie werden etwa im Alter von 5 bis 6 Wochen flugfähig – finden diese Lernvorgänge im dritten Lebensmonat statt; der genaue Zeitpunkt hängt von der frühen *Flugerfahrung* ab [14].

Allerdings ändert sich die *Sonnenbahn* im Laufe der Jahreszeiten beträchtlich (Abbildung 11), und zwar besonders schnell in der Zeit um die Tag- und Nachtgleichen im März und September. Die Vögel müssen ihren *Sonnenkompass*, d. h. ihre Vorstellung von der *Sonnenbahn*, entsprechend anpassen. Dies ist noch nicht genauer untersucht, doch man kann vermuten, dass dies auf ähnliche Weise mit dem *Magnetkompass* als Referenzsystem geschieht.

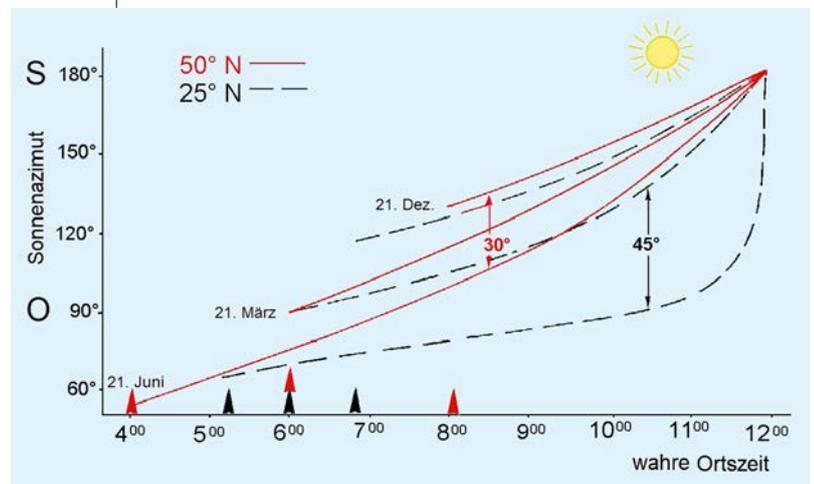
Ein *Sonnenkompass* ist bisher bei etwa 10 Vogelarten durch *Zeitumstellungsversuche* nachgewiesen, unter anderem beim *Ortsgedächtnis* von Hähern, die Samen verstecken, um sie später wiederzufinden [15]. Man nimmt an, dass er bei Vögeln allgemein verbreitet ist. Von seiner Entstehung und Funktionsweise bei wildlebenden Vögeln ist wenig bekannt, doch man kann davon ausgehen, dass die Vorgänge bei ihnen denen bei *Brieftauben* entsprechen und auch sie den *Sonnenkompass* bald nach dem Ausfliegen erlernen. Damit ist sichergestellt, dass der so entstandene *Sonnenkompass* genau auf die Bedingungen der Region angepasst ist, in der die Vögel ihn benutzen müssen. Allerdings laufen die *Lernvorgänge*

**ABB. 10 | SONNENAZIMUT IM LAUFE DES TAGES BEI VERSCHIEDENEN GEOGRAFISCHEN BREITEN**



Änderung des Sonnenazimuts am 21. Juni, wenn die Sonne am weitesten nördlich steht, bei 50° und 25° nördlicher Breite. Die waagrechte gestrichelte Linie markiert 15°, den Mittelwert des Tages. Die kleinen Pfeile geben Sonnenaufgang und Sonnenuntergang an. Oberhalb der Säulen ist jeweils das Azimut eingetragen, das die Sonne zu dem betreffenden Zeitpunkt erreicht hat.

**ABB. 11 | ÄNDERUNG DES SONNENAZIMUTS MIT DEN JAHRESZEITEN**



Aufgetragen sind die Azimutwerte bis Mittag bei 50° und 25° nördlicher Breite am 21. Juni, wenn die Sonne am nördlichsten steht, dem 21. März, der Tag- und Nachtgleichen, wenn die Sonne über dem Äquator steht, und dem 21. Dezember, wenn die Sonne am südlichsten steht. Die kleinen Pfeile geben den jeweiligen Sonnenaufgang an. Die senkrechten Doppelpfeile zeigen Beispiele für die Fehler, die auftreten würden, wenn die Vögel ihre Vorstellung von der Sonnenbahn den jahreszeitlichen Änderungen nicht angleichen würden.

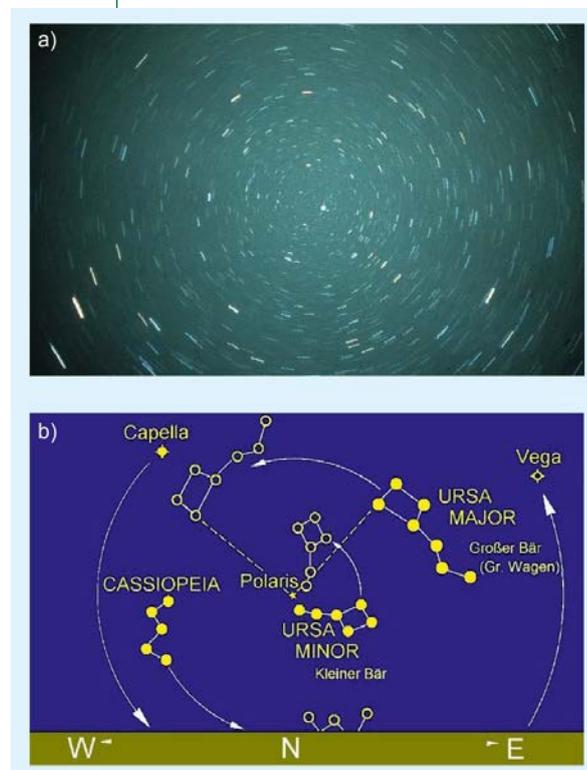
bei Zugvögeln, die ihren Geburtsort bald verlassen müssen, wahrscheinlich merklich schneller ab als bei Brieftauben.

Für die Orientierung in der Heimregion ist der Sonnenkompass ein sehr wichtiger Orientierungsmechanismus. Auf dem Vogelzug scheint er dagegen höchstens eine geringe Rolle zu spielen. Sonnenkompassorientierung wurde bei tagziehenden Vögeln auf der Basis der Zugorientierung noch nicht eindeutig nachgewiesen. Auch theoretische Überlegungen lassen den Sonnenkompass für die Zugorientierung wenig geeignet erscheinen: Beim Zug im Herbst nach Süden und im Frühjahr nach Norden müsste er immer wieder an die neue geografische Breite angepasst werden. Es gibt allerdings Hinweise, dass der Sonnenuntergangspunkt, der wohl ein Teil des Sonnenkompass ist, sowie das Polarisationsmuster des Himmelslichts für nachziehende Zugvögel, die in der Abenddämmerung aufbrechen, eine gewisse Rolle spielen. Auch ist zu vermuten, dass die Zugvögel, wenn sie ihr Winterquartier erreicht haben, dort ihren Sonnenkompass an die dortigen Verhältnisse anpassen. Für ► Weistreckenzieher wie Schwalben und Mauersegler, die südlich des Äquators überwintern, würde das bedeuten, dass sie in ihrem Winterquartier von einer Sonnenwanderung im Gegenuhrzeigersinn ausgehen müssen, umgekehrt wie in ihrem Brutgebiet.

### Der Sternkompass

Auch der Anblick des Sternenhimmels verändert sich im Laufe der Nacht. Die nördlichen zirkumpolaren Sterne kreisen im Gegenuhrzeigersinn um den Polarstern am nördlichen ► Himmelspol, die weiter südlichen, näher am

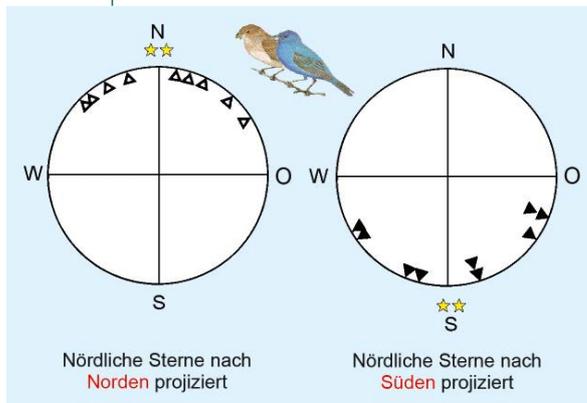
**ABB. 12 | WANDERUNG DER STERNE UM DEN NÖRDLICHEN HIMMELSPOL**



a) Nach Norden gerichtetes Foto des Himmels, etwa 20 min belichtet. b) Schematische Darstellung der Wanderung der Sterne um den Polarstern Polaris in 6 Stunden. Ausgefüllte Symbole: Sterne zum früheren Zeitpunkt; offene Symbole: Sterne 6 Stunden später. Foto a: P. Weindler.

**Orientierung der Indigofinken während des Frühjahrszugs im Planetarium, bei normaler und bei geänderter Sternstellung (nach [16]).**

**ABB. 13 | NACHWEIS DES STERNKOMPASSES**



Himmelsäquator gelegenen gehen im Osten auf und im Westen wieder unter (Abbildung 12). Dabei erscheinen die Sterne jede Nacht 4 Minuten früher, so dass sich ihr Anblick von Nacht zu Nacht geringfügig verschiebt. Im Herbst sind daher am südlichen Himmel andere Sterne sichtbar als im Frühjahr.

Emlen wies 1967 den Sternkompass durch Versuche im Planetarium nach [16]. Der Indigofink (*Passerina cyanea*), ein amerikanischer nachziehender Zugvogel, bevorzugte in einem normal ausgerichteten Planetarium seine Zugrichtung. Als Emlen den Sternprojektor umdrehte und die nördlichen Sterne nach Süden projizierte, änderten die Vögel ihre Richtungstendenzen entsprechend um (Abbildung 13).

Auch der Sternkompass ist ein erlernter Mechanismus. Versuche mit handaufgezogenen Vögeln im manipulierten Planetarium zeigten, dass die Himmelsrotation beim Erlernen des Sternkompass eine sehr wichtige Rolle spielt: Das Zentrum der Himmelsrotation wird als „Norden“ interpretiert, von dem Vögel mit südlicher Zugrichtung im Herbst wegziehen [17]. Weitere Versuche sollten klären, welche Sterne für den Sternkompass die entscheidenden sind, doch diese brachten keine eindeutigen Ergebnisse. Allerdings gab es Hinweise auf individuelle Unterschiede. Emlen vermutete, dass die Vögel die Richtungsinformation aus der Gestalt und der relativen Lage verschiedener Sternbilder zueinander unabhängig von deren aktueller Position ableiten [16]. Damit gehen sie also wahrscheinlich etwa so vor wie wir, wenn wir, ausgehend vom Großen Wagen (Großer Bär), die Hinterachse verlängern und so den Polarnstern und damit Norden finden.

Dabei haben die Vögel offensichtlich keine angeborene Vorstellung davon, wie der Sternhimmel auszusehen hat. Als Gartengrasmücken unter einem künstlichen „Himmel“ handaufgezogen wurden, der nur aus 16 Lichtpunkten bestand, sich aber mit einer Umdrehung pro Tag drehte, lernen sie dieses völlig willkürliche, sehr einfache „Sternmuster“ und konnten es später während der Zugzeit zur Orientierung benutzen [17].

Wenn Zugvögel im Herbst nach Süden ziehen, ändert sich für sie der Anblick des Himmels. Die nördlichen Sterne verlieren an Höhe und verschwinden schließlich unter

dem Horizont, während im Süden neue Sterne erscheinen. Dazu kommt die langsame Veränderung im Jahresverlauf. Diese neuen Sternbilder werden während des Zuges über den Magnetkompass eingeeicht (siehe unten).

Ein Sternkompass ist bisher nur bei nachziehenden Zugvögeln im Zusammenhang mit der Zugorientierung nachgewiesen worden. Es wäre interessant zu erfahren, ob ihn auch nachtaktive Vögel wie Eulen oder Ziegenmelker bei ihren nächtlichen Jagdflügen benutzen.

### Das Zusammenwirken der Kompassmechanismen

Da die Vögel verschiedene Möglichkeiten zur Richtungsbestimmung haben, ergibt sich die Frage, wie sie die jeweilige Richtungsinformation bewerten. In der Natur stimmen die Angaben von Magnetkompass und den astronomischen Kompassmechanismen immer überein, und sie weisen in die gleiche Richtung. Doch in sogenannten Konfliktversuchen, bei denen Magnetfeld und Himmelsfaktoren unterschiedliche Richtungen anzeigen, wird die Wichtung der einzelnen Faktoren deutlich.

### Sonnenkompass versus Magnetkompass

Bei den oben beschriebenen Zeitumstellungsversuchen, die dem Nachweis des Sonnenkompass dienen (Abbildung 9), stand den Vögeln gleichzeitig die natürliche magnetische Richtungsinformation zur Verfügung. Ihr Verhalten zeigt klar, dass sie dem Sonnenkompass den Vorzug geben. Der Sonnenkompass dominiert also über den Magnetkompass, aber offensichtlich nur kurzzeitig. Auch die zeitverschobenen Tauben, die nicht in Heimrichtung abfliegen, kehren in der Regel heim, wenn auch meist mit Verspätung [11]. Besonders, wenn sie vorher viel Flug Erfahrung bei bedecktem Himmel hatten, ist ihr Heimkehrerfolg sehr groß. Viele kommen noch am Tag der Auflassung zurück, etliche schon, bevor ihr subjektiv vorverstellter Tag zu Ende geht. Die Vögel merken offenbar, dass mit ihrem Sonnenkompass etwas nicht stimmt; die Information vom Sonnenkompass verliert an Bedeutung.

Die oben zitierten Versuche (Abbildung 9) wurden mit jungen Tauben in ihrem ersten Sommer durchgeführt, die den Sonnenkompass gerade erst erworben hatten. Hier entspricht die beobachtete Abweichung in etwa dem Unterschied im Sonnenazimut zwischen der subjektiven Zeit der Tauben und der wahren Zeit. Bei Zeitumstellungsversuchen mit älteren Tauben zeigt sich dagegen oft, dass die beobachtete Abweichung kleiner ist, als man aufgrund der Unterschiede im Sonnenazimut erwarten müsste, bei mehrjährigen Tauben oft nur gut 50 Prozent. Das Aufkleben von Magneten, die die Magnetfeldwahrnehmung störten, vergrößerte die Abweichung bis in den erwarteten Bereich [18]. Dies lässt darauf schließen, dass ältere Tauben eine Art von Kompromissrichtung zwischen Sonnenkompass und Magnetkompass fliegen. Der Magnetkompass scheint also später im Leben wieder an Bedeutung zu gewinnen. Über mögliche Gründe kann man nur

spekulieren; vielleicht hängt es damit zusammen, dass diese Tauben die jahreszeitlichen Änderungen der Sonnenbahn erlebt hatten und ihren Sonnenkompass entsprechend hatten anpassen müssen.

### Konfliktversuche bei Dämmerungs- und Nachtziehern

Auch mit Zugvögeln wurden Konfliktversuche durchgeführt. Abbildung 14 zeigt als Beispiel das Orientierungsverhalten von australischen Brillenvögel (*Zosterops l. lateralis*) – einem Dämmerungszieher, der bei Sonnenuntergang aufbricht und etwa bis zum Erscheinen der ersten Sterne zugaktiv ist. Bei Sicht auf den natürlichen Himmel bei gedrehtem Magnetfeld änderten die Vögel ihre Zugrichtung entsprechend der neuen Magnetfeldrichtung (Abbildung 14b). Als man diese Vögel nach etlichen solcher Versuche in einem teilkompensierten Magnetfeld testete, so dass sie keine magnetische Richtungsinformation mehr erhielten, behielten sie diese Richtung bei (Abbildung 14d). Sie hatten die astronomischen Faktoren – Sonnenuntergangspunkt, Polarisationsmuster am Himmel, erste Sterne – nach dem gedrehten Magnetfeld umgeiecht: Die astronomischen Faktoren hatten von dem experimentell geänderten Magnetfeld neue Richtungsbedeutung bekommen [19].

Auch bei rein nachziehenden Vögeln ergaben Konfliktversuche ein ähnliches Bild: Der Magnetkompass erwies sich als dominant, die Sterne wurden nach dem Magnetfeld umgeiecht. Jedoch zeigten sich Unterschiede zwischen verschiedenen Arten in Bezug darauf, wie schnell dies geschah. Grasmücken richteten ihre Aktivität sofort nach der neuen magnetischen Nordrichtung aus, während Rotkehlchen sich zunächst weiter nach den natürlichen Sternen richteten, dann aber nach etwa zwei Nächten ebenfalls dem gedrehten Magnetfeld folgten. Anschließende Versuche in einem Magnetfeld, das keine Richtungsinformation mehr gab, zeigten, dass auch diese Vögel die Sterne umgeiecht hatten. Eine Zusammenfassung der zahlreichen Konfliktversuche mit Zugvögeln ist in [19] zu finden.

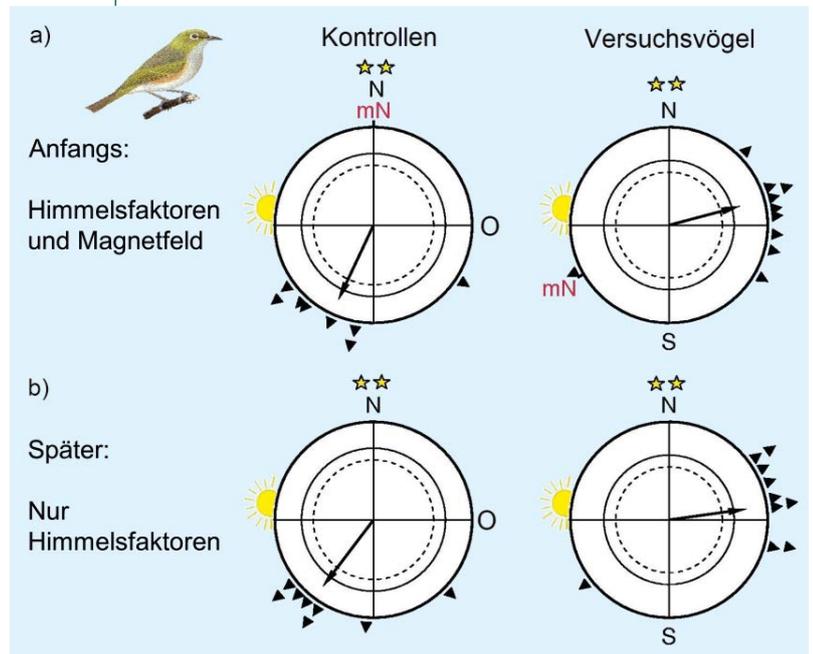
Insgesamt beruht die Kompassorientierung auf einem integrierten System. Die Vögel reagieren auf Konflikte, indem sie die astronomischen Systeme mit dem Magnetfeld wieder in Einklang bringen, so dass alle Kompassmechanismen die gleiche Richtungsinformation geben.

Die Fortsetzung dieses Artikels, die beschreibt, wie die jeweilige Richtung zum Ziel festgelegt wird, folgt im nächsten Heft.

### Zusammenfassung

Der Navigationsvorgang ist bei Vögeln ein Zwei-Schritt-Prozess: Zunächst wird die Richtung zum Ziel als Kompasskurs bestimmt, dann wird dieser Kurs mit Hilfe eines Kompassmechanismus aufgesucht und in die Flugrichtung umgesetzt. Vögel verfügen über einen Magnetkompass, der dem Magnetfeld der Erde Richtungsinformation entnimmt,

ABB. 14 | KONFLIKTVERSUCHE MIT EINEM DÄMMERUNGSZIEHER



**Orientierung australischer Brillenvögel unter freiem, klarem Himmel. a) Mit magnetischer Richtungsinformation: Im Kontrollversuch befinden sich die Vögel im lokalen Erdmagnetfeld, die Versuchsvögel erleben ein Magnetfeld, bei dem magnetisch Nord nach WSW gedreht ist. b) Nach mehreren Versuchen unter diesen Bedingungen folgten Versuche ohne magnetische Information. Die Dreiecke stellen den Mittelwert aus jeweils 3 Versuchen pro Vogel dar, die inneren Pfeile die mittleren Vektoren. N: geografisch Nord, mN: magnetisch Nord. Die Sterne symbolisieren Nord nach den Himmelsfaktoren (nach [19]).**

### GLOSSAR

**Aktivität eines Zugvogels/Zugaktivität:** Drückt die Bereitschaft des Vogels zu ziehen aus. Bei nächtlich ziehenden Vögeln ist es die Aktivität während der Dunkelheit, die während der Zugsaison auftritt und der Länge des Zugwegs entspricht.

**Deklination = Missweisung:** Lokale Abweichung der magnetischen Nordrichtung von der wahren (geografischen) Nordrichtung.

**Himmelspol:** Ort am Himmel in Verlängerung der Erdachse, um den sich die Sterne drehen.

**Innere Uhr:** Das Zeitgefühl der Tiere, basiert auf einem inneren Rhythmus mit einer Phasenlänge von etwa 24 Stunden (circadian), der durch Sonnenaufgang und Sonnenuntergang mit dem natürlichen Tag synchronisiert wird.

**Räumliche Anomalie des Magnetfelds:** Gebiet, wo die Feldstärke des Erdmagnetfelds von den regelmäßigen Werten abweicht, oft starke Schwankungen auf kürzestem Raum. Sie entstehen in Verbindung mit Erzen im Boden, Vulkanismus usw.

**Sonnenazimut:** die Richtung der Sonne, auf den Horizont projiziert.

**Spin-chemische Prozesse:** Prozesse, bei denen der Spin bestimmter Elektronen von Bedeutung ist.

**Weitstreckenzieher:** Vogelarten, die über den Äquator ziehen.

sowie über einen erlernten Sonnenkompass, der aus der Richtung der Sonne Richtungsinformation ableitet; bei nächtlich ziehenden Zugvögeln ist zudem ein erlernter Sternkompass nachgewiesen.

### The navigation system of birds – part 1

Avian navigation is a two-step process: First, the direction to the goal is determined as a compass course, in a second step, this course is located with a compass and converted into a flying direction. Birds have a magnetic compass that takes directional information from the geomagnetic field, a learned sun compass which derives direction from the sun azimuth; night-migrating birds can additionally derive directional information from the stars. How birds determine the course to their goal, will be explained in the second part of this article.

### Schlagworte:

Navigation, Karte-Kompass-Prinzip, Magnetkompass, Sonnenkompass, Sternkompass.

### Literatur

- [1] E. Schüz (1971). Grundriß der Vogelzugskunde. Berlin u. Hamburg, Paul Parey.
- [2] S. Åkesson et al. (2012). Migration routes and strategies in a highly aerial migrant, the common swift *Apus apus*, revealed by light-level geolocators. *PLoS ONE* 7 (7), e41195.
- [3] Hachet-Souplet zitiert nach: E. Claparede (1903), La faculté d'orientation lointaine. *Arch. Psychol. Genève* 2, 133–180.
- [4] G. Kramer (1950), Orientierte Zugaktivität gekäfigter Singvögel. *Naturwissenschaften* 37, 188.
- [5] G. V. T. Matthews (1951). The experimental investigation of navigation in homing pigeons. *J. Exp. Biol.* 28, 508–636.
- [6] G. Kramer (1953). Wird die Sonnenhöhe bei der Heimfindeorientierung verwendet? *J. Ornithol.* 94, 201–219.
- [7] W. Wiltschko, W. F.W. Merkel (1966). Orientierung zugrunder Rotkehlchen im statischen Magnetfeld. *Verh. Dtsch. Zool. Ges. Jena* 1965, 362–367.
- [8] W. Wiltschko, W. R. Wiltschko (2017). Die Magnetorientierung der Vögel. *Ökol. Vögel* 34, 557–570.
- [9] C. Walcott, R.P. Green (1974). Orientation of homing pigeons altered by a change in the direction of an applied magnetic field. *Science* 184, 180–182.
- [10] T. Ritz et al. (2004). Resonance effect indicate a radical-pair mechanism for avian magnetic compass. *Nature* 429, 177–180.
- [11] R. Wiltschko, W. Wiltschko (2019). Magnetoreception in birds. *J. R. Soc. Interface* 16, 20190295.
- [12] G. Kramer (1950). Weitere Analyse der Faktoren, welche die Zugaktivität des gekäfigten Vogels orientieren. *Naturwissenschaften* 37, 377–378.
- [13] K. Schmidt-Koenig (1958). Experimentelle Einflußnahme auf die 24-Stunden-Periodik bei Brieftauben und deren Auswirkungen unter besonderer Berücksichtigung des Heimfindevermögens. *Z. Tierpsychol.* 15, 301–331.
- [14] R. Wiltschko (1981), Die Sonnenorientierung der Vögel. II. Entwicklung des Sonnenkompaß und sein Stellenwert im Orientierungssystem. *J. Ornithol.* 122, 1–22.
- [15] W. Wiltschko et al. (1999). Sun compass orientation in seed-caching corvids: its role in spatial memory. *Anim. Cogn.* 2, 215–221.
- [16] S.T. Emlen (1975), The stellar orientation system of a migratory birds. *Scient. American* 233, 102–111.

- [17] W. Wiltschko et al. (1987). The development of the star compass in Garden Warblers, *Sylvia borin*. *Ethology* 74, 285–292.
- [18] R. Wiltschko, W. Wiltschko (2001). Clock-shift experiments with homing pigeons: A compromise between solar and magnetic information? *Beh. Ecol. Sociobiol.* 49, 393–400.
- [19] R. Wiltschko, W. Wiltschko (1999). Celestial and magnetic cues in experimental conflict, in N.J. Adams, R.H. Slotow (Hrsg.), *Proc. 22 Int. Ornithol. Congr. Durban. Birdlife South Africa, Johannesburg*, 988–1004.
- [20] T. Guilford et al. (2014). Migratory navigation in birds: new opportunities in an era of fast-developing tracking technology. *J. Exp. Biol.* 214, 3705–3712.
- [21] M. Winklhofer (2009), Geomagnetic field, in M.D. Binder, N. Hirokawa, U. Windhorst (Hrsg.) *Encyclopedia of Neuroscience*, 1711–1720.
- [22] J. L. Kirschvink (1989), Magnetite biomineralization and geomagnetic sensitivity in higher animals: An update and recommendations for future study. *Bioelectromagnetics* 10, 239–259.

### Verfasst von:



Roswitha Wiltschko studierte Biologie in Frankfurt. Promotion 1979 mit einer Arbeit über „Die Sonnenorientierung der Vögel“. 1979–1984 wissenschaftliche Angestellte an der Universität Frankfurt, 1984–1987 Hochschulassistentin, 1990 Habilitation mit einer Arbeit „Das Orientierungssystem der Vögel: die Bestimmung der Sollrichtung beim Heimfinden“. 1991–1992 Vertretung einer Professur. Ab 1995 wissenschaftliche Angestellte, 2006 Ernennung zur außerplanmäßigen Professorin an der Universität Frankfurt. Seit der Promotion Zusammenarbeit mit Wolfgang Wiltschko bei zahlreichen Projekten zur Orientierung und Navigation bei Vögeln in Frankfurt und in Spanien, Italien, den USA, Australien und Neuseeland. Sie ist Ehrenmitglied des Royal Institut of Navigation, London.



Wolfgang Wiltschko studierte Biologie in Frankfurt. Im Rahmen seiner Dissertation 1967 konnte er als erster experimentell nachweisen, dass Vögel das Erdmagnetfeld als Kompass benutzen können. Von 1967 an Wissenschaftlicher Angestellter an der Universität Frankfurt. 1972 Habilitation mit einer Schrift über „Kompaßsystem bei der Orientierung von Zugvögeln“. 1974 als Postdoc an der Cornell University, N.Y, USA. Von 1975 bis zur Pensionierung Professor der Zoologie an der Universität Frankfurt. Zahlreiche Forschungsaufenthalte im Ausland, in Spanien, Italien, Arizona, USA, Australien und Neuseeland. 1977 erhielt er den Erwin-Stresemann-Preis der Deutschen Ornithologen-Gesellschaft und 1994 die Elliot-Coues-Award der American Ornithologists' Union. Von 1985–1991 Vizepräsident, 1992–1997 Präsident der Deutschen Ornithologen-Gesellschaft. Er ist Ehrenmitglied der American Ornithologists' Union und des Royal Institute of Navigation, London; seit 2011 Ehrendoktor der Fakultät für Biologie der Universität Bielefeld.

### Korrespondenz:

Roswitha und Wolfgang Wiltschko  
Goethe-Universität Frankfurt  
Fachbereich Biowissenschaften  
Max-von-Laue-Str. 13  
60438 Frankfurt am Main.  
E-Mail: wiltschko@bio.uni-frankfurt.de

## Zusammenleben artfremder Organismen

# Symbiosen im Korallenriff

MIRIAM MOLENKAMP

*Eine symbiotische Partnerschaft zwischen Pflanze und Tier macht es überhaupt erst möglich, dass winzige Polypen Korallenriffe aufbauen, welche die größten von Lebewesen erschaffenen Bauwerke darstellen. Korallenriffe gehören zu den artenreichsten und am dichtest besiedelten Lebensräumen der Welt. Der herrschende Konkurrenzkampf hat eine Vielzahl an Überlebensstrategien hervorgebracht. Im Tier- und Pflanzenreich findet sich eine Fülle an engen Beziehungen zwischen artverschiedenen Organismen. ►Parasitismus und ►Symbiose sind hierbei die bekanntesten Formen. Zwischen dem parasitären Gegeneinander und dem symbiotischen Miteinander gibt es jedoch unzählige Übergänge.*



**ABB. 1** Mangrovenquallen (*Cassiopea* sp.) besitzen photosynthetisch aktive, endosymbiotische Zooxanthellen. Durch ihre charakteristische Körperhaltung „schirmunter“, mit der Mundseite nach oben, sind sie stets dem Sonnenlicht zugewandt.

Der deutsche Arzt und Botaniker Heinrich Anton de Bary prägte 1879 den Begriff Symbiose als jegliches Zusammenleben artverschiedener Lebewesen. Diese allgemeine Definition umschließt somit auch Parasitismus und ►Probiose, die auch als Karpöse oder Parabiose bezeichnet wird. Unter Parasitismus versteht man Lebensgemeinschaften, bei welchen eine Art geschädigt wird, während bei Probiosen nur eine Art einen Nutzen davonträgt und die andere dabei nicht negativ beeinträchtigt wird [1, 2]. Diese allgemeine Definition von Symbiose wird teilweise noch heute und vor allem in den USA verwendet, während man in Europa unter Symbiose eine Vergesellschaftung artfremder Organismen, die für beide Symbiosepartner von Vorteil ist, versteht. Diese Form wird auch als Mutualismus oder Symbiose im engeren Sinne bezeichnet und wird somit von Parasitismus und Probiose abgegrenzt. Viele Lebensgemeinschaften wurden früher als parasitisch beschrieben, während man sie heute zunehmend als mutualistische Symbiosen mit gegenseitigem Nutzen erkennt. So wurden beispielsweise auch endosymbiotische Algen – sogenannte ►Zooxanthellen, die eine bedeutende Rolle für die Riffbildung spielen und sich in Korallen sowie anderen marinen Lebewesen finden – lange Zeit als endozelluläre Parasiten

angesehen. Erst in Folge der Beschreibung der symbiotischen Beziehung einzelliger Algen mit der Mangrovenqualle (*Cassiopea* sp.) durch Hugo Freudenthal in den sechziger Jahren wurden Zooxanthellen als Symbiosepartner verschiedener mariner Organismen und ihre große Bedeutung für die Bildung von Korallenriffen erkannt (Abbildung 1). Bei Symbiosen im engeren Sinne ist das vorübergehende oder ständige Zusammenleben beider Partner meist lebensnotwendig geworden. Im weiteren Sinne sind jedoch auch alle interspezifischen Wechselbeziehungen eingeschlossen, die für beide Partner vorteilhaft und existenz erleichternd, aber nicht obligatorisch sind. Alle Formen der Vergesellschaftung gehen auf eine mehr oder weniger lange koevolutionäre Entwicklung zurück, wobei Wechselwirkungen und Übergänge scharfe begriffliche Abgrenzungen erschweren [2–4]. Der größere Symbiosepartner wird als Wirt, der kleinere als Symbiont bezeichnet. Man spricht von einer Ektosymbiose, wenn der Symbiont außerhalb und von einer Endosymbiose, wenn er im Körperinneren des Wirtes lebt. Abhängig von der Anzahl der Symbionten werden Mono-, Di- und Polysymbiosen unterschieden. Je nach systematischer Zugehörigkeit der Symbiosepartner spricht man von Phyto-, Zoo- bzw. Zoo-phytosymbiosen [1].

Die mit einem grünen Pfeil markierten Begriffe werden im Glossar auf Seite 167 erklärt.



**ABB. 2** Riesenschnecken (*Tridacna maxima*) ernähren sich durch Filtration und endosymbiotische Zooxanthellen, die sich in ihrem farbigen Mantelrand befinden.



**ABB. 3** Korallen leben mit einzelligen Zooxanthellen in Symbiose. Funktioniert dieser empfindliche Mechanismus nicht mehr, kommt es in Folge einer Stressreaktion zur Korallenbleiche, dem sogenannten „Coral Bleaching“.

## Korallenriffe – Symbiose als Lebensgrundlage

Eine symbiotische Partnerschaft macht es Korallenpolypen erst möglich Riffe zu bilden. Korallen werden als Holobionten bezeichnet. Unter diesem Begriff versteht man ein Gesamtlebewesen, das aus einem eukaryotischen Wirtsorganismus und einer Vielzahl mit diesem eng zusammenlebender prokaryotischer Arten besteht. Fast alle riffbildenden, ▶ hermatypischen Steinkorallen leben symbiotisch mit Dinoflagellaten, den Zooxanthellen. Diese endosymbiotischen Algen versorgen die Korallen mit Assimilationsprodukten und Sauerstoff, während sie selbst Kohlendioxid und Stickstoffprodukte erhalten. Korallen decken bis zu 90 Prozent ihres Energiebedarfs über ihre Endosymbionten. Sie ernähren sich jedoch auch heterotroph, indem sie Nahrungspartikel oder gelöste Stoffe aufnehmen und verstoffwechseln. Durch die Photosyntheseleistung der endosymbiotischen Algen wird laufend Kohlendioxid verbraucht. Dadurch wird als Nebeneffekt das Milieu so verändert, dass deutlich mehr Kalk für die Skelettbildung der Korallen anfällt. Dank der internen Entgiftung durch die Zooxanthellen, können die Polypen eng aneinanderrücken und insgesamt eine größere Masse an Kalk abscheiden. Der direkte Stoffaustausch vermindert die Energieverluste und ist eine der Ursachen dafür, dass Korallenriffe zu den produktivsten Ökosystemen der Erde zählen. Symbiosen mit Zooxanthellen finden sich nicht nur bei Korallen, sondern auch bei vielen anderen Riffbewohnern unterschiedlicher systematischer Zugehörigkeit wie beispielsweise Schwämmen (Porifera), Plattwürmern (Plathelminthes) oder auch Muscheln (*Bivalvia*, Abbildung 2) [5–7].

Bis zu einer Million der einzelligen Algen werden in einem Quadratzentimeter Korallengewebe gezählt. Da Korallen ihre Färbung neben Pigmenten auch ihren Zooxanthellen verdanken, spricht man beim Verlust von einer Korallenbleiche. Das Phänomen dieses ▶ „Coral Bleaching“ beschreibt das Ausbleichen der Korallen, deren schneeweißes Kalkskelett ohne den Braunanteil der Gesamtfärbung durch die Zooxanthellen sichtbar wird (Abbildung 3). Neben Stressfaktoren wie beispielsweise Krankheitserregern, Umweltgiften, Süßwassereintrag oder hohe Strahlungsintensität bzw. UV-Strahlung, ist die Wassertemperatur hierfür ein entscheidender Faktor. Bereits eine geringfügige Erhöhung der Strahlungsintensität und Wassertemperatur beeinträchtigt die Photosyntheseleistung der Zooxanthellen. Es kommt zu oxidativem Stress, der toxisch auf die Wirtszellen wirkt. Die Korallen reagieren darauf mit dem Ausstoßen der Zooxanthellen, die als einzellige Planktonalgen weiterleben. Korallen können ihre Symbionten kurzzeitig ausstoßen, sie aber später wieder aufnehmen, oder auch neue Symbionten, die besser an die aktuellen Umweltbedingungen adaptiert sind. Ohne Zooxanthellen müssen Korallen ihre heterotrophe Nahrungsaufnahme enorm steigern, um überleben zu können. Die Bleichempfindlichkeit der Korallen wird u. a. von der Wuchsform, dem Standort und der Art ihrer Zooxanthellen

### IN KÜRZE

- Symbiose beschreibt ein Zusammenleben artverschiedener Lebewesen. Im engeren Sinne wird darunter eine Vergesellschaftung artfremder Organismen verstanden, die für beide Partner von Vorteil ist.
- Kriterien wie die räumliche Beziehung der beiden Symbiosepartner, die Dauer der Beziehung, der Grad der wechselseitigen Abhängigkeit, die Produkte der Symbiose oder die Art des erzielten Nutzens sowie die Spezifität werden zur Unterscheidung symbiotischer Beziehungen herangezogen.
- Eine symbiotische Partnerschaft zwischen einzelligen Algen – sogenannten Zooxanthellen – und Korallen ist die Grundlage für die Ausbildung von Korallenriffen.
- Korallenriffe gehören zu den artenreichsten und am dichtest besiedelten Lebensräumen der Welt. Der große Konkurrenzkampf hat eine Vielzahl an Überlebensstrategien und symbiotischen Beziehungen hervorgebracht.
- Schutz- und Putzsymbiosen werden in Korallenriffen häufig beobachtet.

beeinflusst. Während viele, feingliedrige, verzweigte Korallen nicht länger als 10 Tage ohne Zooxanthellen überleben, sind einige massive Korallen deutlich stressresistenter und in der Lage, wochen- oder gar monatelang gebleicht zu überstehen. Ohne Zooxanthellen überlebende Korallen zeigen jedoch geringere Wachstumsraten, eine verminderte Reproduktionsfähigkeit und erhöhte Anfälligkeit für Krankheiten. Die großen Unterschiede bezüglich der Stressresistenz sind ein Grund dafür, dass von einer Korallenbleiche betroffene Riffe eine starke Artenverarmung zeigen. Eine langfristige Störung der Symbiose zwischen riffbildenden Steinkorallen und ihren einzelligen Algen, führt zum Absterben ganzer Korallenriffe [5, 6]. Korallen als Holobionten leben nicht nur mit Zooxanthellen in Symbiose, sondern darüber hinaus mit unterschiedlichen Bakterien in typischer Artzusammensetzung. Bereits kleine Veränderungen innerhalb ihres Bakterioms können Korallen schwer schädigen. Die Zusammenhänge zwischen symbiontischen Bakterien und Korallenkrankheiten sowie ihren Einfluss auf die Anpassungsmöglichkeiten von Korallen an wechselnde Umweltbedingungen sind Gegenstand aktueller Forschung [8].

### Parasiten, Mitesser und blinde Passagiere

Viele Formen der Vergesellschaftung stehen mit Ernährung im Zusammenhang. Sie dienen beispielsweise dem Nahrungserwerb, dem Aufschließen von Nahrungsbestandteilen oder dem Austausch von Stoffwechselprodukten. Andere hingegen dienen der Fortpflanzung oder durch Verteidigung und Tarnung dem Schutz vor Feinden. Parasitismus und Probiose werden häufig als Ausgangspunkt von Symbiosen im eigentlichen Sinne betrachtet, wobei es auch hier unterschiedliche Formen gibt. Der Begriff Parasitismus ist deutlicher abzugrenzen. Er beschreibt eine ausbeuterische Beziehung zwischen zwei verschiedenen Arten, zum Nutzen der einen und zum Schaden der anderen. Im Korallenriff typische Parasiten sind kleine Fischasseln (Isopoda). Sie setzen sich bereits im Larvenstadium an ihren Wirtsfisch und krallen sich mit ihren Klammerbeinen fest. Die Mundwerkzeuge sind zu einem kräftigen Stechrüssel umfunktioniert, mit dem sie sich von der Gewebsflüssigkeit und dem Blut ihrer Wirte ernähren [1, 9].

Zur Probiose gehört u. a. der Kommensalismus, der auch als „Mitessertum“ bezeichnet wird. Hierbei profitiert ein Partner von den Nahrungsrückständen des anderen, während dieser keinen Vorteil oder Schaden aus der Vergesellschaftung zieht. Verschiedene Makrelenarten (*Caranx* sp.) begleiten beispielsweise Haie und andere Großfische. Aus solchen losen Gemeinschaften entwickelten sich die heute obligatorischen Pilot- oder Lotsenfische (*Naucrates ductor*), die ausschließlich in Begleitung größerer Meeresbewohner vorkommen. Sie befreien diese von Hautparasiten, fressen Speisereste und Ausscheidungen [5]. Phoresie, ebenso eine Form der Probiose, bezeichnet eine temporäre Transportgesellschaft. Ein Tier

nutzt hierbei ein anderes zum Zweck der Ortsveränderung, ohne den Wirt hierbei zu schädigen. Das wohl bekannteste Beispiel aus dem Riff sind sogenannte Schiffshalter (*Echeneis naucrates*, *Remora remora*), die sich mit einer Saugplatte an größere Tiere wie beispielsweise Meeresschildkröten, Haie und Rochen anheften (Abbildung 4). Sie profitieren nicht nur vom energiesparenden Transport, sondern nutzen auch Nahrungsrückstände und genießen Schutz durch die Größe ihres Wirtes. Da sie im Gegenzug die Haut ihres Wirtes von Parasiten befreien, liegt auch in dieser Beziehung ein Übergang zu einer echten Symbiose vor [10].

Symphorismus bzw. Epökie bezeichnet hingegen eine permanente Aufsiedelung, d. h. einen ständigen Aufenthalt auf der Oberfläche eines anderen Lebewesens, ohne dass der Träger hierbei geschädigt wird. Seepocken der Art *Chelonibia testudinaria* siedeln beispielsweise dauerhaft auf Panzern von Meeresschildkröten. Die Zahl der permanent auf anderen Lebewesen siedelnden Arten im Korallenriff ist groß: So finden sich beispielsweise symphorionte Schlangensterne auf Seeigeln oder Korallen (z. B. *Ophiotbela* sp.), Garnelen auf Nacktschnecken (z. B. *Periclimenes* sp.) und Krebse auf Korallen oder Seeanemonen (z. B. *Ancylomenes* sp.) etc. Auf einem stachelig-wehrhaften oder giftig-ungenießbaren Wirt zu leben, reduziert die Chance, selbst gefressen zu werden. Die meist tarnfarbenen Bewohner kontrollieren häufig den Parasitenbefall ihrer Wirte und profitieren gleichzeitig von einer gesteigerten Fresseffizienz. Den Weg zur echten Symbiose weisen auch hier einige Beispiele: Einsiedlerkrebse der Art *Dardanus tinctor* tragen auf ihrem Haus dauerhaft Seeanemonen (Abbildung 5). Sie werden hierbei durch deren



**ABB. 4** Die erste Rückenflosse des gestreiften Schiffshalters (*Echeneis naucrates*) ist zu einer Saugscheibe umgewandelt. Mit dieser heftet er sich an größere Meeresbewohner wie Meeresschildkröten (*Chelonia mydas*).



**ABB. 5** Der Einsiedlerkrebs *Dardanus tinctor* trägt auf seinem Haus Seeanemonen. Diese charakteristische Lebensweise hat zu seinem Namen „Anemonenträger“ geführt.

Tentakel geschützt, während der ständige Ortswechsel für die Seeanemonen von Vorteil ist, da sie als Kommensale die Nahrungsabfälle des Krebses nutzen. Einige Arten nehmen „ihre Anemone“ sogar mit, wenn sie in eine neue Schale umziehen. Die Folgenutzung eines Schneckenhauses durch Einsiedlerkrebse wird als Metabiose bezeichnet. Der Begriff beschreibt ein stark einseitiges Abhängigkeitsverhältnis einer Art von der Tätigkeit einer anderen [10, 11]. Boxer- oder auch Pomponkrabben (*Lybia* sp.) tragen in den Scheren kleine Seeanemonen (*Triactis* sp.). Diese werden von den Krabben zur Verteidigung geschwenkt und zum Nahrungserwerb eingesetzt, während die Seeanemonen von einer gesteigerten Nähr- und Sauerstoffversorgung profitieren. Ein weiterer für die Seeanemonen positiver Nebeneffekt könnte das verringerte Risiko einer Siedimentbedeckung darstellen. Für die Krabben ist das Zusammenleben obligat. Kommt ihnen eine Seeanemone abhanden, stehlen sie einen Ersatz von Artgenossen oder teilen die verbliebene Seeanemone in zwei [12].

Synökie bezeichnet die Nutzung einer Wohnstätte eines anderen Lebewesens bei dessen Anwesenheit. Synökie und Kommensalismus können hierbei verbunden sein. Der auch im Mittelmeer heimische Ringelwurm *Neanthes fucata* lebt beispielsweise gemeinsam mit Einsiedlerkrabben in deren Schneckenhaus. Frisst der Einsiedlerkrebs, geben die Erschütterun-

gen und chemischen Reize dem Wurm das Signal hervorzukommen und die Nahrungsreste seines Wirtes zu nutzen [11]. Bei paraökischen Beziehungen leben Tiere in enger Nachbarschaft, wobei einer der beiden Partner Schutz oder Nahrung erhält. So leben beispielsweise neben verschiedenen Garnelen (z. B. *Stegopontonia* sp.) auch juvenile Kardinalbarsche (*Siphamia* sp.), Schnepfenmesserfische (*Aeoliscus* sp.) oder Schildbäuche (*Diademichthys* sp.) zwischen Seeigelstacheln. Eine Bänderung und dunkle Körperfärbung wirkt hierbei zusätzlich gestaltsauflösend (Abbildung 6). Man spricht hierbei von einem somatolytischen Effekt. Paraökische Lebensgemeinschaften gehen bisweilen in echte Symbiosen über. Kardinalbarsche ernähren sich zwischen Stacheln geschützt von Plankton. Sie putzen jedoch auch die Körperoberfläche ihrer Seeigelwirte, die dabei ihre Stacheln pyramidenförmig zusammenfallen. Für dieses Zusammenspiel ist zumindest eine einfache Form der Kommunikation erforderlich [10, 11].

Man spricht von Entökie, wenn sich Tiere dauerhaft in Körperhöhlen anderer Arten „einmieten“. Sie leben dann meist mit einer Verbindung nach außen im Körper des anderen Organismus, ohne dabei zu parasitieren. Einige Fische und Garnelen bewohnen beispielsweise Seeanemonen (Actiniaria), Seescheiden (Ascidiacea) und Seegurken (Holothuroidea). Letztere besitzen paarig ausgebildete Wasserlungen, die Nadelfische (Carapidae) ideale Lebensbedingungen bieten. Diese auch als Eingeweidefische bezeichneten Tiere haben ein spitz zulaufendes Körperende ohne Schwanzflosse, zurückgebildete Brustflossen und eine schuppenlose Haut. Zudem ist die Afteröffnung der Fische so weit nach vorn verlagert, dass die Tiere zur Ausscheidung ihren Wirt nicht verlassen müssen. Während einige Nadelfischarten ihren Wirt zur Nahrungssuche verlassen, ist *Carapus* sp. vollständig zur

endoparasitären Lebensweise übergegangen. Seine Larven durchbohren die Wand der Wasserlunge und siedeln in die Leibeshöhle über, wo sie sich von den Geschlechtsdrüsen ihres Wirtes ernähren [2, 3, 13].



**ABB. 6** Paraökie beim juvenilen Schnepfenmesserfisch (*Aeoliscus punctulatus*). Die Jungtiere wachsen geschützt zwischen Seeigelstacheln oder Seegrassblättern heran. Körperfärbung und Bänderung haben einen gestaltsauflösenden, somatolytischen Effekt.

### Einteilung symbiotischer Beziehungen

Verschiedene Kriterien wie die räumliche Beziehung der beiden Symbiosepartner, die Dauer der Beziehung, der Grad der wechselseitigen Abhängigkeit, die Produkte der Symbiose oder die Art des erzielten Nutzens sowie die Spezifität werden zur Unterscheidung symbiotischer Beziehungen herangezogen. Bei Ektosymbiosen bleiben die Partner körperlich getrennt, während bei Endosymbiosen einer der beiden in den Körper des ande-

ren aufgenommen wird. Bei Endocytobiosen, wie beispielsweise einigen Leuchtbakterien, leben die Symbionten sogar intrazellulär im anderen Organismus. Unter Biolumineszenz versteht man die aktive Erzeugung von Licht durch Organismen. Sie kann auf der Aktivität körpereigener Zellen beruhen (primäres Leuchten) oder von symbiotischen Bakterien erzeugt werden (sekundäres Leuchten). Leuchterscheinungen treten bei verschiedensten marinen Organismen auf. Feuerwalzen (Pyrosomida), Leuchtquallen (Scyphozoa) oder die Leuchtorgane von Tintenfischen (Cephalopoda) und Tiefseanglerfischen (Ceratioidei) sind für ihre Biolumineszenz weithin bekannt. Aber auch einige Knochenfische zeigen dieses Phänomen. Der nachtaktive Korallenfisch *Photoblepharon steinitzi* wird umgangssprachlich als Leucht- oder Blitzlichtfisch bezeichnet. Er besitzt paarige Leuchtorgane, die direkt unter den Augen liegen. Darin enthalten sind obligat symbiotische Bakterien, die außerhalb des Leuchtorgans nicht überleben können. Diese Bakterien lumineszieren fortlaufend, jedoch können die Fische den Lichtfluss durch ein lichtundurchlässiges Lid regulieren. Die Leuchtorgane locken Beute an und dienen als „Scheinwerfer“. Ein plötzliches Aufblinken schreckt Fressfeinde ab, und Leuchtsignale kommen bei der innerartlichen Kommunikation und beim Paarungsverhalten zum Einsatz. Die Bakterien wiederum erhalten Nahrung und Schutz von ihrem Wirt [3, 7, 13].

Die Dauer der symbiotischen Beziehungen kann persistent (in allen Stadien des Lebenszyklus) oder intermittierend (in Intervallen), der Grad der wechselseitigen Abhängigkeit sehr unterschiedlich sein. Die Allianz oder Proto Kooperation ist die lockerste Form der Symbiose. Beide Arten ziehen einen Vorteil aus dem Zusammenleben, sind aber ohne einander gleichermaßen lebensfähig. Im Korallenriff lassen sich unzählige flüchtige Partnerschaften und kurzzeitige Gemeinschaften beobachten. Hierzu gehören Fress- und Jagdgemeinschaften (Abbildung 7) wie beispielsweise zwischen Kraken (Octopodidae) oder Muränen (Muraenidae) und Zackenbarschen (Epinephelidae), Meerbarben (Mullidae) und Lippfischen (Labridae) etc. Hierbei werden Farbwechsel und interspezifische Kommunikation beobachtet. Einen einseitigen Nutzen hingegen haben beispielsweise Flötenfische (*Fistularia sp.*), die Friedfische nutzen, um sich ihren Beutetieren unbemerkt zu nähern [3, 11, 13].

Neben regelmäßigen, aber nicht lebensnotwendigen Beziehungen fakultativer Symbionten gibt es auch obligatorische Eusymbiosen, d. h. die Partner sind alleine nicht lebensfähig. Die Spezifität ist vom koevolutiven Grad der gegenseitigen Anpassung abhängig und reicht von unspezifisch bis zu hoch wirtsspezifisch. Daraus lassen sich auch Schlüsse über das Alter der Symbiose ziehen [9]. Nach der Art des erzielten Nutzens werden beispielsweise Verbreitungssymbiosen, Fortpflanzungssymbiosen, Verdauungssymbiosen oder auch Symbiosen zum Schutz vor Feinden unterschieden. Durch Symbiosen können vorteilhafte

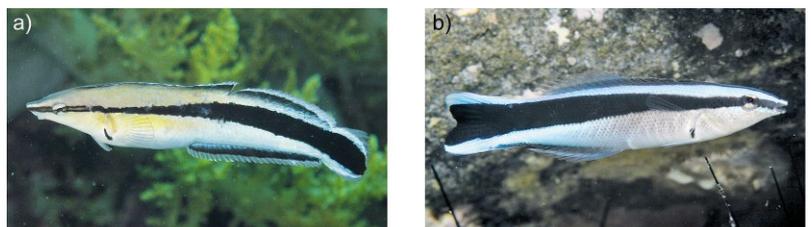


**ABB. 7** Muränen (*Gymnothorax griseus*) und Zackenbarsche (*Variola louti*) gehen temporäre Jagdgemeinschaften ein. Farbwechsel und spezifische Verhaltensweisen dienen der zwischenartlichen Kommunikation.

Eigenschaften der Partner kombiniert werden, und es ist möglich, dass sich neue Strukturen und Organe bilden, wie es beispielsweise bei Korallen der Fall ist. Dies zeigt, dass symbiotische Beziehungen eine treibende Kraft für die Neubesetzung von Nischen und die Evolution neuer Baupläne darstellen [10].

### Putzerstationen – Barbierstuben im Korallenriff

Bemerkenswerte zwischenartliche Partnerschaften werden bei sogenannten Putzsymbiosen beobachtet. Hierbei werden Außenparasiten und Hautreste von der Körperoberfläche eines Tieres durch ein anderes entfernt. Viele Fische und Garnelen arbeiten als „Putzer“. Die „Kunden“ werden vor Haut- und Flossenschäden geschützt, während die „Barbiere“ eine sichere Nahrungsgrundlage haben. Im Korallenriff finden sich viele gelegentliche und obligate Putzer, von welchen der Putzerlippfisch (*Labroides dimidiatus*) sicherlich einer der bekanntesten ist. Der Putzerlippfisch lebt standorttreu, damit seine Kunden seine „Station“ problemlos wiederfinden können. Die Kommunikation zwischen Putzern und ihren Kunden funktioniert perfekt: Eine deutliche Signalfärbung des Putzerlippfisches mit charakteristischen Längsstreifen erleichtert die Wieder-



**ABB. 8** Der falsche Putzerlippfisch *Aspidentus taeniatus* (a) imitiert den echten Putzer *Labroides dimidiatus* (b) in Gestalt, Färbung und Verhalten.



**ABB. 9** Anemonenfische (*Amphiprion bicinctus*) verteidigen ihre Wirtsanemone (*Stichodactyla haddoni*) gegen Fressfeinde, sie selbst sind durch die nesselnden Tentakel vor Fressfeinden geschützt. Auch juvenile Rifffbarsche (*Dascyllus trimaculatus*) und verschiedene Garnelen leben mit Seeanemonen assoziiert.



**ABB. 10** Partnergrundeln leben mit Pistolenkrebsen (*Alpheus* sp.) in Symbiose. Der Krebs baut an der gemeinsamen Wohnröhre, während die Grundel eine Wächterrolle übernimmt. Abb. a zeigt die Partnergrundel *Lotilia graciliosa*, Abb. b die Grundel *Cryptocentrus cryptocentrus*, jeweils im Antennenkontakt mit ihrem Partnerkrebs.

erkennung. Mit einer charakteristisch wippenden, nahezu tanzenden Schwimmweise wirbt der Putzer um seine Kunden, während diese durch ihre Körperhaltung ihre Putzbereitschaft signalisieren. Versuche im Riff haben die ökologische Bedeutung dieser Putzersymbiose belegt: Werden die Putzerfische weggefangen, werden die verbliebenen Fische zunehmend von Hautkrankheiten geplagt und wandern schließlich in andere Gebiete ab [10]. Die Bedeutung der Putzerstationen wird durch einen weiteren Spezialisten unterstrichen. So wird der Putzerlippfisch (Abbildung 8b) vom Säbelzahnschleimfisch (*Aspidontus taeniatus*, Abbildung 8a) perfekt nachgeahmt. Der falsche Putzer nutzt das aufgebaute „Vertrauensverhältnis“, indem er sich als Lippfisch getarnt an die wartenden Fische heranmacht und ihnen Stücke aus Haut und Flossen reißt. *Aspidontus taeniatus* gehört zu den Schleimfischen (Blenniidae), sieht seinem Vorbild jedoch täuschend ähnlich und ahmt auch sein Verhalten nach. Dieses „Wolf im Schafspelz“-Phänomen wird auch als Schutztracht oder Mimikry bezeichnet [10].

## Wohngemeinschaften mit Extras

Die wohl bekannteste Schutz- und Wohngemeinschaft im Riff ist die Symbiose von Anemonenfischen (Pomacentridae) und Seeanemonen. Die kleinen Fische leben zwischen den mit Nesselzellen bewehrten Fangarmen der Aktinien und genießen dadurch einen hervorragenden Schutz vor Fressfeinden. Anemonenfische werden grundsätzlich wie jeder andere Fisch „genesselt“, tarnen sich jedoch chemisch: Damit sich nicht bei jeder Berührung der Tentakeln die Nesselkapseln entladen, enthält der Schleim der Aktinien einen spezifischen Hemmstoff. Anemonenfische übernehmen diesen, indem sie sich selbst mit dem Schleim überziehen. Möglich wird dies durch ein typisches „Tentakelkuscheln“, bei dem sich die Fische sozusagen „imprägnieren“ und dadurch Teil der Anemonenoberfläche werden. Dieselbe Strategie nutzen übrigens auch juvenile Rifffbarsche der Art *Dascyllus trimaculatus* sowie andere Fische und verschiedene Garnelen (Abbildung 9) [9, 10]. Wie auch verwandte Korallenbarsche stehen Anemonenfische im freien Wasser über ihrem Fluchttort und schnappen nach vorbeitreibendem Zooplankton. Gegenüber anderen Riffbewohnern zeigen sie ein auffallend starkes Revierverhalten. Bei der Verteidigung ihrer Seeanemone attackieren sie auch deutlich größere Fische und sogar Taucher. Verschiedene Falterfische (Chaetodontidae) ernähren sich von Korallenpolypen und Seeanemontentakeln. Aktinien mit Anemonenfischen sind vor diesen Fressfeinden effektiv geschützt. Anemonenfische säubern zudem die Oberfläche ihres Wirtes [10].

Eine schützende Wohngemeinschaft bilden auch höhlengrabende Knall- oder Pistolenkrebs (Alpheidae) mit verschiedenen Grundeln (v. a. der Gattungen *Cryptocentrus* und *Lotilia*). Die Krebse schaffen kontinuierlich Sand aus den Wohnhängen, die sie mit ihrer Wächter- oder Partnergrundel gemeinsam bewohnen, wobei sie diesen gleichzeitig nach Nahrung durchkämmen. Dabei sind sie einer ständigen Gefahr durch Fressfeinde ausgesetzt. Die Symbiosepartner haben ein taktiles Kommunikationssystem entwickelt: Über ihre Antennen stehen die Krebse mit ihrer Partnergrundel in ständigem Kontakt (Abbildung 10). Im Gegenzug werden sie durch Flossenschläge bzw. durch die Flucht der Grundel in den gemeinschaftlichen Bau vor nahenden Fressfeinden gewarnt. Wenn die Umgebung sicher ist, verharren die Grundeln als stille Wächter am Tunnelausgang. So können sich die Krebse auf ihre Grabtätigkeit und Nahrungssuche konzentrieren, ohne ständig nach Fressfeinden Ausschau zu halten. Grundeln bewohnen schlupfwinkelreiche Felsböden, einige graben auch im Bodengrund. Partnergrundeln profitieren von der gemeinschaftlichen Nutzung der Wohnröhren auf deckungsarmen Sandböden. Beide Partner verbringen die Nacht unterirdisch in Sicherheit. Die Krebse verschließen bei Sonnenuntergang die Eingänge und verteidigen die Wohnröhren und gleichzeitig ihre Partnergrundeln gegen eindringende Räuber wie beispielsweise Fangschreckenkrebs (Stomatopoda) [3, 9, 10, 14].

## GLOSSAR

**Coral Bleaching:** Unter (Licht- und Hitze-)Stress stoßen Korallen ihre endosymbiontischen Zooxanthellen aus. Da dann das weiße Kalkskelett sichtbar wird, spricht man bei diesem Phänomen von Korallenbleiche.

**Hermatypische Steinkorallen:** Scheiden ein Kalkskelett ab und leben in Symbiose mit Zooxanthellen, wodurch u. a. ihr Kalkbildungsvermögen gesteigert wird. Da ihr Kalkskelett die Grundlage für den Aufbau von Korallenriffen darstellt, werden sie auch als riffbildende Steinkorallen bezeichnet.

**Parasitismus:** Eine Form der Antibiose, bei der ein Parasit oder Schmarotzer auf Kosten des Wirtes einen einseitigen Nutzen hat.

**Probiose:** Interaktion zweier artfremder Organismen, bei der einer der beiden Partner einen Vorteil aus dem Zusammenleben zieht, während der andere weder einen Schaden noch Nutzen davonträgt.

**Symbiose:** Bezeichnet im engeren Sinne das Zusammenleben von zwei Arten zum gegenseitigen Vorteil (Mutualismus), im weiteren Sinne jegliche Vergesellschaftung zweier artfremder Organismen.

**Zooxanthellen:** Einzellige Algen, die innerhalb der Zellen verschiedener Wirte leben und mit diesen einen hoch spezialisierten Stoffwechsel betreiben. Sie spielen als Symbiosepartner von riffbildenden, hermatypischen Steinkorallen, eine entscheidende Rolle.

## Zusammenfassung

Der Begriff Symbiose bezeichnet grundsätzlich eine Vergesellschaftung artfremder Organismen und im engeren Sinne das Zusammenleben von zwei Arten zum gegenseitigen Vorteil (Mutualismus). Eine symbiotische Partnerschaft zwischen einzelligen Algen und Korallen ist Grundlage für die Ausbildung von Korallenriffen. Diese gehören zu den artenreichsten und am dichtest besiedelten Lebensräumen der Welt. Der vorherrschende Konkurrenzkampf hat eine Vielzahl an Überlebensstrategien und Formen des Zusammenlebens hervorgebracht.

## Summary

## Symbiotic relationships in Coral Reefs

The term symbiosis basically refers to any interaction of two different organisms. In a narrower sense, it is defined as a relationship in which both partners benefit (mutualism). The foundation of coral reefs is a symbiotic relationship between single-celled algae and corals. Coral Reefs are among the most diverse and densely populated ecosystems in the world. The constant competitive fight between species has led to a broad variety of survival strategies and different types of symbiotic relationships.

## Schlagworte

Symbiose, Parasitismus, Probiose, Korallenriff.

## Danksagung

Ein Dank gebührt Christian von Mach, Diplombiologe, Unterwasserfotograf und Leiter des Red Sea Environmental Centre in Dahab ([www.redsea-ec.org](http://www.redsea-ec.org)) für die großzügige Bereitstellung von Bildmaterial.

## Literatur

- [1] D. Matthes (1998). Tierische Parasiten: Biologie und Ökologie, Vieweg, Braunschweig.
- [2] M. Schaefer (2012). Wörterbuch der Ökologie, 5. Auflage, Spektrum, Akademischer Verlag, Heidelberg.
- [3] H. Debelius (2002). Riff-Führer Rotes Meer, 3. Auflage, IKAN-Unterwasserarchiv, Frankfurt.
- [4] M. Offenberger (2014). Symbiose: warum Bündnisse fürs Leben in der Natur so erfolgreich sind, Deutscher Taschenbuch-Verlag, München.
- [5] H. Schuhmacher (1991). Korallenriffe: Verbreitung, Tierwelt, Ökologie, 4. Auflage, BLV, München.
- [6] P. Marshall, H. Schuttenberg (2006). A Reef Manager's Guide to Coral Bleaching, Great Barrier Reef Marine Park Authority.
- [7] R. Wehner, W. Gehring (2013). Zoologie, 25. Auflage, Thieme, Stuttgart.
- [8] C. Harvell, E. Jordán-Dahlgreen et al. (2007). Coral Disease, Environmental Drivers, and the Balance between Coral and Microbial Associates. *Oceanography* 2, 172–195.
- [9] P. Nahke (1998). Tricks im Riff: Tarnung, Täuschung und Partnerschaften, Jahr-Verlag, Hamburg.
- [10] I. Eibl-Eibesfeldt (1999). Grundriß der vergleichenden Verhaltensforschung. Piper, München.
- [11] R. Pies-Schulz-Hofen (2004). Die Tierpflegerausbildung, 3. Auflage, Parey, Stuttgart.
- [12] I. Karplus et al. (1998). The intraspecific fighting behavior of the Hawaiian boxer crab, *Lybia edmondsoni* – fighting with dangerous weapons, *Symbiosis* 24, 287–302.
- [13] R. Kuiter, H. Debelius (2006). World Atlas of Marine Fishes, IKAN-Unterwasserarchiv, Frankfurt.
- [14] K. Stiefel (2018). Die Grundel und ihr Krebs: Eine außergewöhnliche Symbiose in tropischen Meeren, *Biologie in unserer Zeit* 48(6), 382–386.

## Die Autorin



Miriam Molenkamp, geb. 1982, promovierte 2011 an der Leopold-Franzens-Universität Innsbruck. Ihre zoologische Doktorarbeit beschäftigte sich mit Verhaltensstudien von Lippfischen, insbesondere Mimikryphänomenen unter Jungfischen und riff-ökologischen Aspekten. Schwerpunkt ihrer Forschung ist vor allem das Verhalten von Korallenfischen im Roten Meer. Derzeit arbeitet sie als freiberufliche Biologin und organisiert als Geschäftsführerin von „Tauchreisen & Meer“ Tauchreisen.

## Korrespondenz:

Dr. Miriam Molenkamp  
Weinhartstraße 9/11  
A-6020 Innsbruck  
E-Mail: [miriam.molenkamp@gmail.com](mailto:miriam.molenkamp@gmail.com)

# Immer wieder missverstanden Die Unterteilung von Arten in Rassen

WERNER KUNZ



Die im atlantischen Bereich über Nordost-Nordamerika und weite Teile Nord- bis Mittel-Europas verbreitete Rasse „carbo“ des Kormorans *Phalacrocorax carbo* (links) unterscheidet sich im Kopf- und Halsbereich sehr deutlich von der über West-, Ost- und Südafrika verbreiteten Rasse „lucidus“ (rechts).

Fotos: mit freundlicher Genehmigung von Angelika Nijhoff-Schlieter über Naturgucker.de (links), W. Kunz (rechts).

*Kaum ein anderer biologischer Fachbegriff wird so oft falsch verstanden und für ideologische Weltanschauungen missbraucht wie der taxonomische Begriff der Rasse. Häufig werden Rassen mit ► Ethnien oder gar Religionen verwechselt. Rassen sind allein dadurch definiert, dass ganz bestimmte (oft wenige) genetische Merkmale, die in geografischer Distanz als Anpassung an unterschiedliche Lebensverhältnisse entstanden sind, nicht gleichmäßig über die Individuen einer Art verteilt, sondern miteinander kombiniert sind und dadurch die Individuen zu Gruppen vereinigen, die anhand dieser kombinierten Merkmale voneinander unterscheidbar sind. Es ist ein verbreitetes Missverständnis, Rassen für Gruppen zu halten, die genetisch voneinander sehr verschieden sind.*

Der Begriff „Rasse“ bezeichnet eine Untergruppe der Art (Spezies) und wird in der Zoologie synonym mit dem Begriff „Subspezies“ verwendet. In der botanischen Literatur wird der Begriff viel seltener verwendet, da es unter den Pflanzen viele Hybride und Nachkommen vegetativer Fortpflanzung gibt, wodurch eine einheitliche Begriffsbildung erschwert wird [1]. Gegenwärtig ist das Wort „Rasse“ wegen des Missbrauchs in sozialen und politischen Ideologien zu einem sehr umstrittenen Begriff geworden, so dass die Gefahr aufkommt, dass soziale und politische Gebote die Weiterentwicklung naturwissenschaftlicher und humanmedizinischer Erkenntnisse behindern könnten [2]. Obwohl die Bezeichnung „Rasse“ in der Tierzucht, in der Völkerkunde und auch in der Biologie schon seit langer Zeit angewendet wurde, hat sich dieses Wort als taxonomischer Begriff erst gegen Ende des neunzehnten Jahrhunderts gefestigt, und zwar in der Zoologie. Darwin sah im Begriff Rasse keine eigene distinkte taxonomische Einheit. Er machte keinen wesentlichen Unterschied zwischen Arten, Rassen und Varietäten und war überzeugt, dass sich diese hierarchischen Ebenen nur im Ausmaß ihrer Merkmalsdifferenzen, aber nicht in der Qualität dieser Merkmale voneinander unterscheiden.

## Der zoologische Rassebegriff und die trinäre Nomenklatur

Gegen Ende des neunzehnten Jahrhunderts, als die Fauna der tropischen Länder der Erde von Artensammlern erschlossen wurde, gelangte eine Fülle neuer Formen in die europäischen Museen, und in der Zoologie setzte sich der Begriff Rasse (Subspezies) als Taxon gegenüber Fachbegriffen wie „Varietäten“, „Formen“ und anderen Bezeichnungen durch [1]. In der späteren zweiten Hälfte des neunzehnten Jahrhunderts entstand die trinäre Nomenklatur in der Zoologie, die Benennung von Rassen durch einen dreiteiligen Namen: Gattung-Spezies-Rasse [1]. Diese Nomenklatur wurde zunächst von der „American Ornithologists' Union“ übernommen, von wo sie dann in England von Walter Rothschild eingeführt wurde, der seine riesige Sammlung an Vögeln und Schmetterlingen danach gliederte. Zum Personal, das die Rothschild'schen Sammlungen verwaltete und ordnete, gehörten der Ornithologe Ernst Hartert und der Entomologe Karl Jordan (beide Deutsche), die die Praxis

der trinären Nomenklatur nach Deutschland übertragen. Die trinäre Nomenklatur und der Begriff „subspecies“ wurden dann bald vom „International Code of Zoological Nomenclature“ (ICZN) übernommen (<http://www.iczn.org/>). Zum Beispiel sind die meisten der ca. 11.000 Vogelarten der Erde in mehrere Subspezies untergliedert, die sich größtenteils nur in sehr wenigen Merkmalen voneinander unterscheiden [3] (Abbildung 1).

In den zwanziger und dreißiger Jahren des vorigen Jahrhunderts waren es vor allem der Zoologe Bernhard Rensch, der Genetiker Theodosius Dobzhansky und der Taxonom Ernst Mayr, die die Definition für den Begriff Rasse formulierten. Dobzhansky definierte die Rasse sinngemäß folgendermaßen: „Eine subspezifische Gruppe, zusammengesetzt aus Individuen, die eine geografisch definierte Region bewohnen, und die charakteristische Phänotyp- oder Gen-Merkmale besitzen, die sie von ähnlichen Gruppen unterscheiden“ [4]. Ernst Mayr kam nach dem Studium Hunderter von Vogelrassen zu einer ähnlichen

Definition: „Eine Rasse ist die Zusammenfassung phänotypisch ähnlicher Populationen einer Art, die ein geografisches Teilgebiet des Areal der Art bewohnen und sich taxonomisch von anderen Populationen der Art unterscheiden“ [5]. Rensch erkannte, dass nahezu alle Arten in Rassen untergliedert sind, so dass der Begriff „Art“ folglich durch den neuen Begriff „Rassenkreis“ ersetzt werden sollte, um zum Ausdruck zu bringen, dass eine Art eine Summe von Rassen ist [6].

Die mit einem grünen Pfeil markierten Begriffe werden im Glossar auf Seite 176 erklärt.

## IN KÜRZE

- Eine Rasse ist die **Zusammenfassung merkmalsähnlicher Populationen einer Art**, die ein geografisches Teilgebiet des Areals der Art bewohnen und sich von anderen Populationen der Art durch bestimmte (meist wenige) Merkmale unterscheiden, die wiederum Anpassungen an die regionalen Lebensverhältnissen sind. Rassenunterschiede müssen von genetischer Natur sein.
- Da die Angehörigen verschiedener Rassen **reproduktiv miteinander kompatibel sind**, vermischen sie sich überall dort, wo sie aufeinandertreffen. Wenn eine Rasse in das Verbreitungsgebiet einer anderen Rasse eindringt, dann lösen sich die Rassenunterschiede allmählich auf, ein Prozess, der sehr lange dauern kann, weil es trotz reproduktiver Verträglichkeit der Rassen zwischen den Angehörigen verschiedener Rassen oft Verpaarungseinschränkungen gibt.
- Rassen sind sich genetisch oft sehr ähnlich, und die meisten Allelvarianten sind über alle Rassen einer Art verbreitet. **Kombiniert man jedoch mehrere Gene miteinander (Gencluster)**, dann ist in vielen Fällen eine eindeutige Zuordnung der Organismen zu bestimmten Rassen möglich, und es wird deutlich, dass es unterscheidbare Gruppen gibt.
- Der amerikanische Populationsgenetiker Lewontin etablierte in den siebziger Jahren des vorigen Jahrhunderts einen neuen Rassebegriff, der von der Humangenetik übernommen wurde. Er erwartete, dass die Rasse eine Gruppe genetisch ähnlicher Individuen mit geringer Allelvarianz der einzelnen Gene sein müsse, während sich verschiedene Rassen dann durch größere Allelvielfalt voneinander unterscheiden sollten. Da dies beim Menschen nicht der Fall ist, schloss er daraus, dass es beim Menschen keine Rassen gibt. Dieser Rassebegriff entspricht jedoch nicht der klassischen zoologischen Definition der Rasse.
- Die Humanmedizin unterscheidet die Bewohner verschiedener geografischer Herkunft **nach den genetischen Risikofaktoren**, bestimmten Krankheiten zu erliegen und unterschiedlich auf Medikamente zu reagieren.



**ABB. 1** Schwanzmeisen (*Aegithalos caudatus*) sind über ganz Europa bis Ostasien verbreitet und sind in mehr als 15 Rassen unterteilt, die verschiedene geografische Regionen bewohnen. Die Rassen unterscheiden sich nur in ganz wenigen Merkmalen der Kopf- und Rückenzeichnung. Hier dargestellt sind (a) die über Skandinavien, Osteuropa und Asien am weitesten verbreitete Rasse „caudatus“ mit völlig weißem Kopf, (b) die mitteleuropäische Rasse „europaeus“ mit einer schwarzen Binde über den Kopf und (c) die südspanische Rasse „irbii“ mit einem grauen Rücken. Fotos mit freundlicher Genehmigung durch die Autoren: (a) Jutta und Peter Trentz, (b) Alexander Müller, (c) Yvonne Christ (alle Naturgucker.de).

Alle drei Autoren betonen, dass die Rasse-definierenden Merkmale nicht nach subjektivem Ermessen ausgewählt werden können. Stattdessen müssen es Merkmale sein, die Anpassungen an unterschiedliche Lebensformen in unterschiedlichen Klimaten und Umwelten sind. Es ist ein auf den amerikanischen Humangenetiker Lewontin zurückgehendes [7], auch heute noch verbreitetes Falschverständnis von Rasse, dass die Merkmale, die Rassen unterscheiden, wie etwa Hautfarbe, Augen- oder Lippenform, subjektiv oder gar willkürlich ausgewählt wären. Würde man andere Merkmale auswählen, käme man zu einer anderen Rasseneinteilung [8, 9]. Stattdessen wurden Rassen in der Zoologie von Anfang an nur nach Unterschiedsmerkmalen definiert, die als Adaption an die Lebensverhältnisse in geografischer Distanz entstanden sind. Solche Merkmale sind vom Taxonom nicht subjektiv aus Klassifizierungsbedürfnissen ausgewählt, sondern es sind empirisch zu beobachtende Merkmale, die Anpassungen an den geografischen Ort sind [10]. Die Zugehörigkeit von Individuen zu bestimmten Rassen beruht eben nicht auf weit verbreiteten Polymorphien, wodurch sich die Individuen ebenfalls unterscheiden, die aber kontinuierlich über das gesamte Vorkommensgebiet der Art verbreitet sind.

Verschiedene Rassen sind reproduktiv miteinander kompatibel, und die Individuen vermischen sich überall dort, wo sie aufeinandertreffen (in den sog. ► klinalen Überschneidungsbereichen). Deshalb können Rassen dauerhaft nur in geografisch voneinander entfernten Regionen leben. Wenn die Angehörigen verschiedener Rassen durch Wanderung die Rassengrenzen überwinden, dann wird das gesamte Verbreitungsgebiet der Art eine einzige klinale Übergangszone, und die Rassenunterschiede lösen sich allmählich auf – ein Prozess, der oft sehr lange dauert, weil es trotz reproduktiver Verträglichkeit der Rassen oft zwischen den Angehörigen verschiedener Rassen Einschränkungen in der Verpaarung gibt. Vermischungen sind ein besonderes Problem für die Zuordnung von Individuen zu bestimmten Rassen und für die Definition des Rassebegriffs. Rassen sind keine stabilen Gruppen. Besonders durch die wechselnden Eiszeiten sind viele Tierarten aus weiten Teilen der Nordhalbkugel zurückgewichen und haben sich anschließend wieder nach Norden ausgebreitet. Dadurch ist es zu Vermischungen zwischen wandernden und ortsansässigen Populationen gekommen. Das hat viele Rassenabgrenzungen unscharf gemacht. Manche Rassen sind im Zustand des Verschwindens, ohne jedoch ganz verschwunden zu sein. Sind es noch Rassen oder nicht? Daher kommt es darauf an, mit welcher Treffsicherheit ausgewählte Individuen noch bestimmten Gruppen zugeordnet werden können. Das wird im Folgenden an Beispielen erläutert.

Der Begriff der Rasse ist ein biologischer und populationsgenetischer Fachbegriff. Die Verschiedenheiten

zwischen Rassen sind immer genetisch begründet und kennzeichnen eine gemeinsame Abstammung. Demgegenüber ist der Begriff Ethnie ein Fachwort der Sozialwissenschaften und bezeichnet Gruppen, die durch soziale und kulturelle Tradition voneinander unterschieden sind. Eine Ethnie ist oft keine gemeinsame Abstammungsgruppe, sondern eine Gruppe von Menschen, die durch gemeinsame Geschichte, Religion, Sprache, Wirtschaftsordnung oder andere Kriterien miteinander verbunden sind. Das sind Traditionen, die nicht in den Genen verankert sind.

### Intrarassische versus interrassische Verteilung genetischer Polymorphismen

Die Individuen einer Art unterscheiden sich voneinander durch viele Millionen genetische Polymorphismen [11]. Jedes einzelne Merkmal könnte man willkürlich herausgreifen, um die Individuen einer Art in Subgruppen zu unterteilen. Um jedoch Subgruppen zu erkennen, die man als Rassen definieren kann, müssen solche Merkmale ausgewählt werden, die nur die Bewohner eines geografischen Teilgebiets des Areal der Art kennzeichnen oder die die Herkunft der Individuen aus einer anderen geografischen Region anzeigen.

Alle anderen Merkmale sind nicht geeignet, Individuen zu Rassen zu gruppieren. Wichtig ist vor allem, dass Rassen immer

#### NUR PHYLOGENETISCH RELEVANTE MERKMALE SIND GEEIGNET, EINE RASSE ZU DEFINIEREN

einen zeitweise unabhängig gelaufenen Evolutionsweg hinter sich haben und daher nur nach Merkmalen definiert werden können, die die Organismen als beginnenden eigenen phylogenetischen Zweig abgrenzen. Breitgestreute individuelle Polymorphismen charakterisieren keine Rassen. In der Annahme, die biologische Systematik würde eine breite Palette von unkontrollierten Merkmalen benutzen, um danach taxonomische Einheiten voneinander abzugrenzen, liegt eine der Ursachen für das Missverständnis von Rasse. Nur phylogenetisch relevante Merkmale sind geeignet, eine Rasse zu definieren.

Bei den meisten Arten, die ein gewisses evolutionäres Alter erreicht haben und die über ein größeres Areal verbreitet sind, kommt es mit der Zeit und der geografischen Entfernung mehr und mehr zu selektionskontrollierten lokalen genetischen Anpassungen an die verschiedenen Umwelten. Solche genetischen Unterschiede zwischen den Populationen verschiedener geografischer Regionen können allein wegen der Entfernung stabil erhalten bleiben. Die Entstehung von Rassen beruht nicht auf genetisch fundierten Paarungsbarrieren zwischen den Individuen, sondern es ist allein die Entfernung, die die Paarung verhindert, weil sich die Organismen nicht begegnen können. Reproduktive Verträglichkeit der Organismen miteinander verhindert nicht das Verschiedenwerden entfernter Gruppen [12]. Eine zusammenhängende Reproduktionsgemeinschaft ist oft in ein Mosaik distinkter geo-

grafischer Rassen unterteilt, die immer noch über Genaustausch miteinander verbunden sind, jedoch bereits begonnen haben, unabhängige Evolutionswege zu beschreiten. Dieses Phänomen wird „► isolation by distance“ genannt [13].

Beim Menschen liegt die größte Verschiedenheit zwischen den vier ursprünglich afrikanischen Gruppen vor: Mbuti und Biaka-Pygmäen, Buschmännern und Niger-Kordofanern (wozu die Bantus gehören) [14]. Alle heute in den übrigen Kontinenten wohnenden Menschen sind vor ca. 100.000 Jahren aus Afrika ausge-

wandert und unterscheiden sich in geringerem Ausmaß voneinander als die Ureinwohner Afrikas. Die Unterschiede sind jedoch distinkt und spiegeln die Hauptwanderwege in die verschiedenen Kontinente wider [15, 16]. Die Identifizierung von Individuen nach ihren Herkunftsländern lässt sich anhand von ► Single Nucleotide Polymorphismen (SNPs) oder auch von ► Mikrosatelliten-DNA-Regionen durchführen. SNPs sind Variationen einzelner Basenpaare im Genom; Mikrosatelliten sind kurze DNA-Sequenzen, die im Genom oft wiederholt sind. An den allelen Verschiedenheiten dieser Merkmale kann man Individuen, aber auch ganze Populationen unterscheiden. Beim Menschen kommen nur wenige Mikrosatellitenallele nur in einer einzigen Population vor; die meisten sind weit über die verschiedenen Populationen verbreitet. Eine umfangreiche Untersuchung an 4199 Mikrosatellitenallelen ergab, dass nur 7 Prozent dieser Allele auf eine einzige geografische Region beschränkt waren (sog. „private alleles“); sie betrafen dort jedoch nicht alle Individuen der Population [16]. Diese sogenannten „private alleles“ sind fast durchweg die seltenen Mutanten dieser Loci, die man insgesamt in weniger als 2 Prozent aller Individuen der Art findet [17]. Es handelt sich meist um die Allele, die die jeweilige Gründerpopulation der Rasse gekennzeichnet haben. Demgegenüber sind die häufigen Allele fast immer weit verbreitet und finden sich in den meisten Gruppen. Viele der häufigen Allele sind weltweit verbreitet.

Single Nucleotide Polymorphismen (SNPs) und Mikrosatelliten-DNA-Regionen haben sich zwar als sehr erfolgreich erwiesen, die Herkunftsorte und die Wanderwege der heute existierenden Bevölkerungsgruppen herauszufinden, aber dabei handelt es sich fast durchweg um Allelvarianten von Loci, die genetisch neutral sind, also keine phänotypischen Produkte erzeugen, die von der Selektion erkannt werden. Gruppen mit gemeinsamen Mikrosatellitenmerkmalen können nicht als Rassen definiert werden, weil diese Merkmale keine durch die Selektion geförderten Adaptionen an bestimmte ökologische Nischen oder Klimate sind. Mutationen in neutraler DNA, die im Laufe der Zeit auftreten, charakterisieren nicht die Neuentstehung und Absonderung eines Taxons. Zur Entstehung

einer neuen Art oder Rasse gehören Merkmalsveränderungen, die neue und von der Stammgruppe abweichende Anpassungen an geänderte Umweltsverhältnissen sind [18].

Zu einer solchen Adaption gehört beim Menschen auch die Hautfarbe, obwohl dieses Merkmal komplex ist. Zwar geht der Unterschied dunkle Haut versus helle Haut

beim Menschen im Wesentlichen auf zwei Allele eines Gens zurück (SLC24A5), das die Bauanleitung für ein Eiweiß in den Melaninkörperchen der Pigmentzellen der Haut enthält, jedoch gibt es noch weitere

### REPRODUKTIVE VERTRÄGLICHKEIT DER ORGANISMEN MITEINANDER VERHINDERT NICHT DAS VERSCHIEDENWERDEN ENTFERNTER GRUPPEN

Gene, die die Hautfarbe ebenfalls beeinflussen [19]. Beispielsweise ist die Hellhäutigkeit in Asien nach der Auswanderung der Menschen aus Afrika unabhängig von der Hellhäutigkeit der Europäer entstanden, nachdem sich beide Gruppen vorher voneinander getrennt hatten. Aber es handelt sich um ein eindeutiges Merkmal der Anpassung an geänderte und unterschiedliche Umweltverhältnisse. Die Tatsache, dass die meisten Allele der meisten Genloci (sowohl „klassische“ Allele wie die Blutgruppen als auch Mikrosatelliten) in allen Populationen vorhanden sind, hat zu einer folgenreichen Missinterpretation des Rassebegriffs geführt [7]. Anstatt die Rasse durch bestimmte (oft sehr wenige) adaptive Merkmalsgemeinsamkeiten zu definieren, wurde die Erwartung vertreten, Rassen müssten generell genetisch voneinander verschieden sein.

### Was ist Allelvarianz?

Jedes Gen hat normalerweise mehrere Allele. Würden die Individuen in einer Population alle Allele eines Genlokus einigermaßen gleichhäufig tragen, so hätte diese Population eine hohe Allelvarianz. Dominiert jedoch ein einzelnes Allel gegenüber den anderen Allelen, so hat diese Population eine geringe Allelvarianz. Geringe Allelvarianz bedeutet, dass die Individuen einer Population für die einzelnen Loci überwiegend homozygot, also wenig variant sind. Hohe Allelvarianz bedeutet, dass die Individuen einer Population für die einzelnen Loci überwiegend heterozygot sind, weil im diploiden Satz überwiegend verschiedene Allele zusammenkommen. Die Individuen sind in dieser Population also sehr variant. Lewontin [7] ging nun von der Erwartung aus, dass die Individuen innerhalb einer jeweiligen Rasse einheitlich seien, also eine geringe Allelvarianz haben müssten. Das würde bedeuten, dass in einer bestimmten Rasse einzelne Gene überwiegend mit einem dominierenden Allel vertreten wären, das jedoch in einer anderen Rasse jeweils ein anderes wäre. Würde beispielsweise in einer Rasse die Blutgruppe A dominieren, so würde in einer anderen Rasse die Blutgruppe B dominieren. Würde dies stimmen, dann wären die Mittelwerte der Allelvarianzen in den jeweiligen einzelnen Rassen

gering. Wenn man dann jedoch den Mittelwert der Allelvarianzen verschiedener Loci für die Gesamtheit aller Rassen errechnet, dann müsste die Allelvarianz einen deutlich höheren Wert haben als die Allelvarianzen der jeweils einzelnen Rassen. Das sollte dann für die Allelvarianzen jedes einzelnen Genlocus gelten. Genau darin sah Lewontin den eigentlichen Rassenunterschied. Er hat seine Messungen (Einzelrassenvarianz gegenüber Gesamtvarianz) an 17 polymorphen Genloci durchgeführt. Zu seiner eigenen Überraschung entsprach das Ergebnis aber nicht der oben dargestellten Erwartung. Die Allelvarianz in den Individuen in der Gesamtheit aller gemessenen Rassen erwies sich als kaum größer als die Varianzen, die bereits in den Einzelrassen vorhanden waren. Eine hohe Allelvarianz bei den einzelnen Genloci besteht also bereits zwischen den Individuen innerhalb der Rasse und nimmt kaum zu, wenn die Rassen gemischt werden. Aber anstatt aus diesem Ergebnis den Schluss zu ziehen, dass der Berechnung ein falsches Verständnis vom Begriff der Rasse zugrunde lag, folgerte Lewontin daraus, es gäbe beim Menschen keine Rassen.

### Lewontins Vergleich intrarassischer mit interrassischen Allelvarianzen

Lewontin hat die Allelhäufigkeitsverteilung ausgewählter Genloci (beginnend mit den Blutgruppenallelen) bei vielen Individuengruppen gemessen. Dann hat er einen Vergleich angestellt: Wie groß ist die Varianz der Allele ausgesuchter Gene innerhalb der Rasse („intrarassische Variation“) im Vergleich zur Varianz der Allele zwischen den Angehörigen verschiedener Rassen („interrassische Variation“)? Das Ergebnis (das anschließend durch mehrere Autoren bestätigt wurde) war, dass der größte Teil der Allelvarianz (85 bis über 90%) bereits innerhalb der Rassen vorhanden ist, während nur ein geringer zusätzlicher Prozentsatz an Varianzunterschieden auf Differenzen zwischen den verschiedenen Rassen zurückzuführen ist [7, 16]. Demnach geht also ein hoher Prozentsatz der genetischen Diversität der Menschen auf die individuelle Verschiedenheit der Menschen innerhalb ihrer Population zurück, während auf zusätzliche „rassebedingte“ Unterschiede nur ein geringer weiterer Prozentsatz an Verschiedenheit entfällt. Rassen sind also nicht das, wovon Lewontin ausgegangen war, nämlich genetisch relativ einheitliche Individuen. Ein Europäer und ein Bewohner Ostasiens unterscheiden sich in der Gesamtheit ihrer genetischen Unterschiede kaum mehr voneinander als ein Europäer von irgendeinem anderen Europäer. Daraus wurde von Lewontin und danach auch von anderen Autoren [8] der Schluss gezogen, dass Rassenunterschiede keine genetische Basis hätten.

**DER „KLASSISCHE“ ZOOLOGISCHE RASSE-BEGRIFF GEHT NICHT DAVON AUS, DASS SICH DIE ANGEHÖRIGEN ZWEIER VERSCHIEDENER RASSEN STÄRKER VONEINANDER UNTERSCHIEDEN MÜSSTEN ALS DIE INDIVIDUEN IN EIN UND DERSELBEN RASSE**

Der „klassische“ (und auch heute noch gültige) zoologische Rassebegriff geht, wie anfangs ausgeführt, nicht davon aus, dass sich die Angehörigen zweier verschiedener Rassen stärker voneinander unterscheiden müssten als die Individuen in ein und derselben Rasse. Stattdessen geht es um einige (oft nur wenige) Merkmale, durch die die Rassen diagnostisch unterschieden und ontologisch definiert werden können [4-6]. In einer vagen Analogie ist das vergleichbar mit der Möglichkeit, holländische Autos an ihrem gelben Nummernschild mit nur geringer Fehlerquote von deutschen Autos unterscheiden zu können, obwohl die holländischen Autos untereinander im

Vergleich zu deutschen Autos insgesamt keineswegs einen größeren Verschiedenheitsgrad haben als sie innerhalb ihrer jeweiligen Nation bereits haben.

Im Grunde hat Lewontin eine neuartige Rassedefinition eingeführt, nämlich dass Rassen sich durch

eine Zunahme der Verschiedenheit der ihr angehörenden Individuen gegenüber dem bereits vorhandenen rasseinternen Verschiedenheitsgrad auszeichnen müssten. Allein daraus hat er den Schluss gezogen, dass Rassen beim Menschen nicht vorhanden seien. Diese Neudefinition der Rasse wurde von vielen Humangenetikern übernommen [8], obwohl sie von der klassischen zoologischen Definition abweicht. Es ist ein bemerkenswertes wissenschaftshistorisches Phänomen, dass in Humangenetik und Zoologie zwei verschiedene Rassebegriffe parallel nebeneinander verwendet wurden und noch werden. Es befremdet in der Rückschau, dass die damals führenden Evolutionsbiologen (z. B. Rensch oder Mayr, die den zoologischen Rassebegriff vertreten haben) der Lewontinschen Schlussfolgerung nicht deutlicher widersprochen haben. Dabei ist allerdings zu bedenken, dass die Lewontinsche populationsgenetische Statistik sehr schwer zu verstehen ist. Die folgeschwere Arbeit ist sehr kurz abgefasst [7].

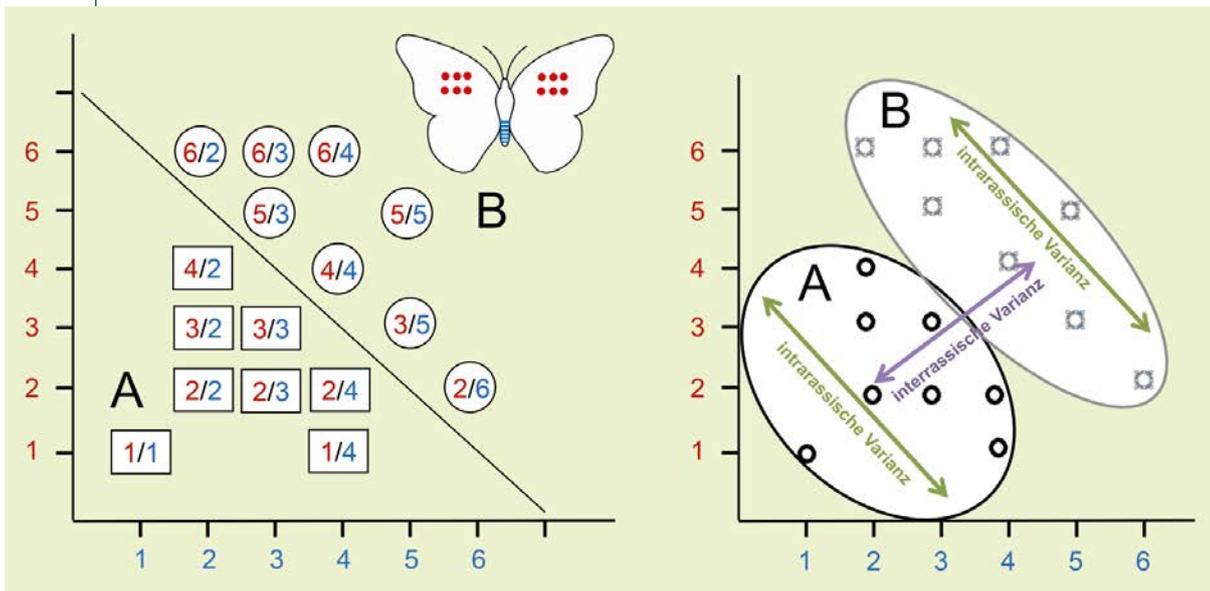
In vielen Ländern der Erde und weit in die Geschichte zurückgehend ist es immer wieder zur Diskriminierung von Angehörigen anderer Rassen gekommen, weil diese vermeintlich Anlagen hätten, die minderwertig seien. Dieser gefährlichen Auffassung lag ein Falschverständnis des Rassebegriffs zugrunde, dass Rassen in ihrer genetischen Ausstattung etwas sehr Verschiedenes seien. In Wirklichkeit aber unterscheiden sich die Angehörigen verschiedener Rassen nur durch einige Anpassungen an andersartige Umweltverhältnisse. In den wahren Rasseunterschieden (z. B. der Hautfarbe) liegt keinerlei Zündstoff für eine Diskriminierung. Eine Aufgabe für Biologen und Soziologen ist es daher, den zoologischen Rassebegriff richtig zu stellen [20]. Aber anstatt den Rassebegriff zu präzisieren und deutlich von dem mit ideologischer Zielsetzung [2, 21]

falsch verstandenen Rassebegriff abzusetzen, wurde und wird die Existenz von Rassen beim Menschen fortgesetzt abgestritten [8, 9]. Zumindest befremdet es, die Existenz von Rassen bei einer bestimmten ausgewählten Spezies (*Homo sapiens*) zu negieren, ohne dabei die Kenner anderer Tiergruppen zu Rate zu ziehen, um für das Reich der Tiere eine einheitliche taxonomische Lösung zu finden. Es trifft zu, dass Schimpansen in unterschiedlichen Arealen deutlich verschiedener sind als sich Menschen unterschiedlicher geografischer Herkunft voneinander unterscheiden [8]. Es gibt aber keine logische Rechtfertigung dafür, deswegen den Rassebegriff beim Menschen zu streichen und beim Schimpansen weiter daran festzuhalten. Wenn sich zwei Dinge stark voneinander unterscheiden, dann sind es zwei stark voneinander verschiedene Dinge. Wenn sich zwei Dinge wenig voneinander unterscheiden, dann sind es zwei wenig voneinander verschiedene Dinge. Aber es sind dann immer noch zwei verschiedene Dinge.

### Lewontins Fehler in der Auswertung seiner statistischen Analyse

Abgesehen vom Falschverständnis des Begriffs Rasse hat Lewontin noch zusätzlich bei der Schlussfolgerung aus seinen statistischen Ergebnissen einen Fehler gemacht, der nachträglich von mehreren Autoren entdeckt wurde [14, 16, 22]. Er hat alle Gedankenschlüsse aus seinen statistischen Analysen immer nur auf jeweils einen Genlokus bezogen. Er hat niemals die verschiedenen Loci miteinander zu „Clustern“ kombiniert und dann nach Unterschieden zwischen den Rassen gesucht. Nur aufgrund dieses Fehlers kam er zu dem Schluss, dass Menschen basierend auf ihren Allelvarianzen keinen Gruppen sicher zugeordnet werden können. Lewontin hat immer nur einen Locus-zu-Lokus-Vergleich zwischen den einzelnen Rassen gemacht. Berücksichtigt man dagegen den in der Biologie gegebenen Zusammenhalt verschiedener Gene miteinander, dann lassen sich die Individuen sehr wohl bestimmten Gruppen zuordnen. Dieser Fehler in den Lewontinschen

**ABB. 2 | DARSTELLUNG ZUR GRUPPENTRENNUNG BEI INTRA- UND INTERRASSISCHER VARIANZ ZWEIER KORRELIERTER GENE**



Eine fiktive Insektenart besitzt am Hinterleib eine variierende Anzahl von 1–6 blauen Ringen und gleichzeitig auf den Vorderflügeln eine variierende Anzahl von 1–6 roten Punkten. Für den Genlokus „blauer Ring“ gibt es 6 Allelvarianten, die auf der Abszisse aufgetragen sind. Desgleichen gibt es für den Locus „roter Punkt“ auch 6 Allelvarianten, die auf der Ordinate aufgetragen sind. In der Grafik sind 16 Individuen zu zwei Rassen A und B dargestellt. Die 8 Individuen der Rasse A variieren in der Zahl ihrer Hinterleibsringe von 1–4 (blau), während die 8 Individuen der Rasse B in der Zahl ihrer Hinterleibsringe von 2–6 (blau) variieren. Der Unterschied zwischen den beiden Rassen A und B besteht also lediglich darin, dass B im Schnitt eine etwas höhere Anzahl an Ringen hat als A. Weil sich die Allelvarianten aber weitgehend überschneiden, kann man ein Individuum nur mit sehr hoher Fehlerquote einer der beiden Rassen A und B zuordnen. Es ist aber möglich, durch die Hinzunahme einer zweiten Variablen eine klare Trennung der beiden Rassen A und B zu erreichen. Die zweite Variable sind 1–6 rote Punkte auf den Vorderflügeln; das sind die verschiedenen Allele des zweiten Genlokus, die auf der Ordinate aufgetragen sind. Auch hier besteht der Unterschied zwischen den beiden Rassen A und B wieder nur darin, dass B im Schnitt lediglich eine etwas höhere Anzahl an Punkten hat als A, so dass bei Betrachtung nur einer Dimension wiederum eine Trennung zwischen den Rassen A und B stark fehlerbehaftet ist. Die zweidimensionale korrelative Darstellung zeigt jedoch, dass die 16 Individuen eindeutig den zwei Rassen A und B zuzuordnen sind, die sich klar voneinander abgrenzen lassen, obwohl die Allelvarianz der zwei ausgewählten Genloci (blau und rot) innerhalb jeder Rasse fast ebenso stark variiert wie zwischen den Rassen. Abb. nach [2], stark verändert; entsprechend den wertvollen Hinweisen eines anonymen Gutachters weiter verändert.

Schlussfolgerungen wurde zuerst von dem Statistiker Anthony Edwards entdeckt, der die Unterschiede in den Allelvarianzen berechnete, indem er die Allelvarianzen mehrerer Gene miteinander kombinierte [22]. Dabei stellte sich heraus, dass das angebliche Ergebnis Lewontins, man könne zufällig ausgewählte Individuen nur mit einer hohen Fehlerquote bestimmten Rassen zuordnen, falsch ist. Bei der Berücksichtigung mehrerer Genloci ist eine Zuordnung der Individuen zu bestimmten Rassen möglich, und zwar mit steigender Sicherheit, je mehr Loci in die Berechnung einbezogen werden (das ist ausführlich in Abbildung 2 erläutert). Jeder einzeln betrachtete Genlocus liefert nur eine geringe Information über die Zugehörigkeit zu einer bestimmten Gruppe. Aber wenn die Information mehrerer Loci kombiniert wird, dann können trotz aller Rassenvermischungen auch heute noch viele Individuen nach ihrer Herkunft bestimmten Gruppen zugeordnet werden [23].

Vor allem die umfangreichen Untersuchungen der Rosenberg-Gruppe an 4199 Allelen führten zu dem empirischen Nachweis, dass sich durch Kopplung bestimmter Genloci (den sog. „Rosenberg-Clustern“) heute noch viele Menschen bestimmten Gruppen zuordnen lassen, deren Herkunft in Afrika, Eurasien, Ostasien, Ozeanien oder im vor-kolumbianischen Amerika liegt. Die Widerlegung der Lewontinschen Schlussfolgerung erschien 2015 sogar in der Presse (Frankfurter Allgemeine Zeitung FAZ-online). Der Artikel trug den bezeichnenden Titel: „Lewontins Fehlschluss: Die Einteilung der Menschen in Rassen hat keine biologische Grundlage, heißt es oft. Leider stimmt das so nicht“ (<http://www.faz.net/aktuell/wissen/leben-gene/gibt-es-menschliche-rassen-13917542.html>; Zugriff 21.4.2020). Als der Unternehmer Craig Venter im Juni 2000 auf der Pressekonferenz im Weißen Haus die erfolgreiche Sequenzierung des menschlichen Genoms verkündete, fügte er hinzu: „Der Begriff Rasse hat keine genetische oder wissenschaftliche Basis“ [2]. Nur vier Jahre später sagte Francis Collins (der das rivalisierende Team zur Sequenzierung des menschlichen Genoms leitete): „Genetische Unterschiede erlauben die Vorhersage der geografischen Herkunft einzelner Individuen.“

Für den „klassischen Taxonomen“ ist es nichts Neues, bei der Abgrenzung von Taxa (Rasse, Art) niemals nur ein einziges Merkmal zu benutzen, sondern immer nur die Kombination mehrerer Merkmale. Es ist nun einmal eine biologische Tatsache, dass das Leben der Organismen immer nur dann funktioniert, wenn mehrere Merkmale miteinander kombiniert sind. Daher besteht der entscheidende Unterschied zwischen verschiedenen taxonomischen Gruppen nicht in Einzelmerkmalen, sondern in Merkmalsbündeln. Dies ist die Basis für die Existenz von Rassen,

nicht der Einzelmerkmalsunterschied. Lewontin stellt die Frage: „Wie groß muss der Unterschied in der Häufigkeit der einzelnen ABO-Blutgruppenallele eigentlich sein, damit man zwei lokale Populationen als separate Rassen bezeichnen kann?“. Dies ist von vornherein die falsche Frage, weil man biologische Taxa nicht nach Unterschieden in einem einzigen Genlocus definieren kann [2].

Biologische Taxa sind keine Klassen im Sinne von „► natural kinds“, die durch ein einziges essentielles gemeinsames Merkmal definierbar wären [24]. Auch die Zugehörigkeit eines Individuums zu einer bestimmten Art kann nicht nach einem einzigen (Bestimmungs-)Merkmal ermittelt werden. Eine auf Merkmalen beruhende Taxonomie ist nur möglich, wenn sie die Koppelung mehrerer Merkmale in Betracht zieht, weil Einzelmerkmale immer die Zuordnung zu falschen Taxa möglich machen. Je mehr verschiedene Merkmale miteinander kombiniert werden, umso sicherer wird die Artbestimmung. Der evolutionäre Vorteil bestimmter Einzelmerkmale ergibt sich oft nur durch das Zusammenwirken mehrerer Merkmale. Das ist eine der Hauptursachen, warum es in der Natur Gruppen

gibt; die Biodiversität ist kein Kontinuum variierender Merkmale. Wäre sie das, dann gäbe es keine Taxonomie; denn die Taxonomie ist die Wissenschaft, die nach dem Wesen der Gruppen sucht. Das kann

man mit Fahrzeugen vergleichen: Lastwagen, Personenwagen und Motorräder unterscheiden sich nicht so sehr in ausgesuchten Einzelmerkmalen, sondern der Unterschied zwischen den Fahrzeugtypen liegt in der Kombination bestimmter Merkmale [12]. Würde man Motorräder und Fahrräder allein nach Details in der Sitzpolsterung unterscheiden wollen, dann würde man diese beiden Fahrzeugtypen kaum voneinander abgrenzen können.

### Die Bedeutung der Rasse für Medizin und Pharmazie

Trotz der gegenwärtigen Vermischung der ursprünglich getrennten geografischen Rassen kann man auch heute noch die Herkunft der meisten Menschen aus verschiedenen Kontinenten anhand von Markerallelen zurückzufolgern. Aus medizinischen und pharmazeutischen Gründen ist es wichtig, die genetischen Unterschiede zwischen den Bewohnern unterschiedlicher Herkunft in Betracht zu ziehen. Der Verzicht auf Rassenunterscheidungen hätte Folgen für die Erhaltung der Gesundheit und für den biomedizinischen Fortschritt, weil es zwischen den Menschen unterschiedlicher geografischer Herkunft signifikante genetische Unterschiede in der Anfälligkeit für bestimmte Krankheiten und in der Reaktion auf bestimmte Medikamente gibt [15]. So führt z.B. eine Mutante des Gerinnungsfaktors V-Leiden zu einer Förderung der Blutgerinnung und dadurch zu einer erhöhten Anfälligkeit

## DER VERZICHT AUF RASSEN- UNTERSCHIEDUNGEN HÄTTE FOLGEN FÜR DIE ERHALTUNG DER GESUNDHEIT UND FÜR DEN BIOMEDIZINISCHEN FORTSCHRITT

gegen Thrombose. Das Allel, das diese Mutante trägt, ist in 5 Prozent der weißen Bevölkerung vorhanden, fehlt aber fast vollständig in Ostasiaten und Afrikanern. Weiße sind daher in signifikant höherem Maße dem Risiko ausgesetzt, von Thromboembolie befallen zu werden als Ostasiaten und Afrikaner [17].

Auch eine umfangreiche prospektive klinische Studie im Zeitraum von 1996 und 2006 an Diabetes-Erkrankten in den USA hat deutliche Unterschiede zwischen den Menschen unterschiedlicher geografischer Herkunft ergeben [25]. Untersucht wurden fast 65.000 in den USA lebende Diabetes-Patienten verschiedener Abstammung: Weiße, Schwarzafrikaner, Latinos, Philipinos, Chinesen, Japaner, Pazifikinsulaner und Süd-

asiaten. Die Ergebnisse wurden nach äußeren und inneren Umständen justiert und einander angeglichen, um Unterschiede im Alter, Geschlecht, Bildungsgrad, Erziehung, Sportbetätigung, Alkohol- und Zigarettenkonsum und diversen medizinischen Vorbelastungen gegeneinander auszugleichen. Die Folgen der Diabetes-Erkrankung waren bei den Menschen unterschiedlicher Herkunft deutlich verschieden. Beispielsweise trat Nierenerkrankung im Endstadium am geringsten bei Menschen europäischer Herkunft auf, Myokardinfarkt hatte die größte Häufigkeit bei Pazifikinsulanern; bei an Diabetes erkrankten Asiaten musste mit nur geringer Häufigkeit eine Amputation der unteren Extremitäten vorgenommen werden. Dagegen traten vaskuläre Komplikationen (Herzinsuffizienz, Schlaganfall) bei Diabetikern verschiedener Herkunft mit etwa gleicher Wahrscheinlichkeit auf. Das bedeutet, dass die ▶ ätiologische Forschung und die Überwachung der öffentlichen Gesundheit die genetischen Differenzen zwischen Patienten unterschiedlicher geografischer Herkunft zu beachten haben. Menschen unterschiedlicher Herkunft reagieren auch unterschiedlich auf verschiedene Medikamente [26]. Dazu gehört BiDil, ein Medikament, das den Blutdruck verringert. 1999

wurde nachgewiesen, dass die Sterblichkeit afroamerikanischer Patienten mit BiDil um 27 Prozent verringert werden konnte, während das Mittel bei weißen Patienten unwirksam war [27]. Damit wurde BiDil zum ersten Patent für ein Medikament, das die amerikanische Behörde für Lebens- und Arzneimittel (Food and Drug Administration, FDA) ausschließlich für schwarze Patienten zugelassen hat.

Die Eliminierung des Begriffs „Rasse“ als Variable aus der medizinischen Forschung würde die Wirksamkeit therapeutischer Maßnahmen untergraben. Dennoch wollte Arbor Pharmaceuticals im Januar 2017, dass Fachartikel

### **DIE ELIMINIERUNG DES BEGRIFFS „RASSE“ ALS VARIABLE AUS DER MEDIZINISCHEN FORSCHUNG WÜRDIE DIE WIRKSAMKEIT THERAPEUTISCHER MASSNAHMEN UNTERGRABEN**

zu unterschiedlichen Risikofaktoren zwischen afroamerikanischen und weißen Patienten von der Website des amerikanischen Bundesamts für Gesundheitsforschung und Qualität (AHRQ) entfernt werden. In Kalifornien gab es vor ca. 20 Jahren eine Initiative, ein Gesetz zu erlassen, das es jeder öffentlichen Institution verbietet, Daten zu Rasseunterschieden zu erheben und zu sammeln. Das hätte für die medizinische Forschung zur Folge gehabt, dass alle Daten im Gesundheitssystem, die Aussagen über Unterschiede in den Risikofaktoren gegenüber Krank-

heiten zwischen Menschen unterschiedlicher Herkunft enthalten, aus den öffentlichen Datenbanken hätten gelöscht werden müssen [17]. Würden die Fakten über Rasseunterschiede ignoriert und nicht weiter

erforscht, so würde das z. B. in den USA vor allem der nicht-weißen Bevölkerung schaden, weil die derzeit vorliegenden Informationen über das Risikofaktorprofil überwiegend an der weißen Bevölkerung erhoben wurden, und einige dieser Daten für Nicht-Weiße eine andere Gültigkeit haben.

### **Sind Arten und Rassen „natural kinds“?**

Die erkenntnistheoretischen Grundlagen der Gruppierung von Organismen werden in taxonomischen Publikationen oft wenig berücksichtigt [18, 28]. Dabei geht es in der Taxonomie nicht nur um Abstammung und Verwandtschaft (Was ist wie nahe mit wem verwandt?), sondern wesentlich auch um Klassenbildung (Welche Faktoren halten eine Gruppe zusammen?) [18]. Das betrifft auch die Frage, ob Gruppen in der Natur reale Dinge sind, oder ob Gruppen lediglich Konstrukte des menschlichen Geistes sind. Was Rassen betrifft, so widersprechen sich die Meinungen in der philosophischen Literatur direkt, indem Rassen von einigen Autoren als real existierende Einheiten

verstanden werden [29], von anderen dagegen als nicht-existent bezeichnet werden [30]. Trotz aller Schwierigkeiten, Taxa wie Spezies oder Rassen zu de-

finieren, ist es irgendwie kontraintuitiv, Rassen und Arten für nicht-existent zu halten. Das Problem der Realität von taxonomischen Gruppen liegt irgendwo in der Mitte zwischen der Annahme, Taxa seien rein instrumentale Einheiten (konstruiert vom Menschen für sein Bedürfnis, Dinge mit gleichen Eigenschaften und gleicher Abstammung zusammenzufassen) und der Annahme, Gruppen würden in der Natur außerhalb des menschlichen Geistes genauso existieren, wie wir sie zur Kenntnis nehmen und mit ihnen arbeiten [31]. Beide Extreme können widerlegt werden. Ein Taxon wie „Kohlmeise“ existiert nicht als Ding in der Natur, so wie man es sich im Alltag vorstellt.

### **ARTEN UND RASSEN EXISTIEREN JEDOCH; NUR SIND ES EBEN KEINE „NATURAL KINDS“**

Aber es ist auch kein bloßes Konstrukt des menschlichen Geistes, denn es ist ein Faktum, dass die Organismen in der Natur durch real existierende Faktoren zu Gruppen zusammengehalten und von Nachbargruppen abgegrenzt werden. Welche Faktoren das sind, ist Gegenstand der taxonomischen Forschung. Die Gruppen spielen eine zentrale Rolle in der Evolutionstheorie. Ohne die Akzeptanz solcher Gruppen gäbe es keine Roten Listen. Auch die Bestimmungsbücher für Pflanzen und Tiere gehen von der Annahme aus, dass es Gruppen in der Natur gibt, die der denkende Mensch nicht erfunden hat, sondern die empirisch wahrnehmbar sind.

In vordarwinistischer Zeit hielten die Taxonomen am aristotelischen Glauben fest, Arten müssten sich essentiell unterscheiden. Diese Grundannahme wurde auch von Linné vertreten. Es ist schon mehrfach kritisiert worden [2], dass manche Autoren auch heute noch an der Vorstellung festhalten, Arten und Rassen müssten „natural kinds“ [24] sein, und weil sie das nicht sind, wird daraus geschlossen, Arten und Rassen würden nicht existieren. Arten und Ras-

sen existieren jedoch; nur sind es eben keine „natural kinds“. „Natural kinds“ sind durch mindestens ein essentielles Merkmal definiert. Jedes Mitglied einer „natural kind“ muss dieses Merkmal besitzen, und kein Angehöriger einer anderen „natural kind“ darf dieses Merkmal haben. Jedes Mitglied, das dieses Merkmal verliert, kann nicht mehr zu dieser „natural kind“ gehören. Ein Beispiel für „natural kinds“ sind die chemischen Elemente. So ist z. B. Platin durch die Protonenzahl 78 definiert. Verliert Platin ein Proton, dann ist es kein Platin mehr. Das unterscheidet die chemischen Elemente grundsätzlich von biologischen Arten und Rassen. Ein adultes Rotkehlchen besitzt eine rote Kehle. Dieses Merkmal ist jedoch nicht essentiell, denn wenn ein Rotkehlchen die rote Kehle durch eine Mutation verliert, dann gehört dieses mutierte Individuum immer noch zur Gruppe der Rotkehlchen.

Da sich prinzipiell alle Merkmale von Individuen, die bestimmten Arten oder Rassen angehören, jeden Augenblick durch eine Mutation verändern können, die betroffenen Individuen dadurch aber nicht die Mitgliedschaft zu ihrer Art oder Rasse verlieren, sind Arten und Rassen (im Gegensatz zu den chemischen Elementen) keine „natural kinds“. Dies würde der Evolutionstheorie widersprechen. „Natural kinds“ sind universal, d. h. sie sind (in unserem gegenwärtigen Weltall) weder an eine Zeit noch an einen Raum gebunden. Arten und Rassen existieren dagegen einmalig zu bestimmten Zeiten an bestimmten Orten [32]. Eine „natural kind“ kann nicht aussterben. Arten und Rassen dagegen können aussterben. Sie sind einmal entstanden, und sie werden einmal wieder aussterben und können auch deswegen keine „natural kinds“ sein.

## GLOSSAR

**Ätiologie:** Ursachenforschung über die Entstehung von Krankheiten.

**Ethnie:** Der Begriff Ethnie ist kein biologischer und auch kein populationsgenetischer Begriff, sondern ein Fachwort der Sozialwissenschaften. Unter Ethnie wird keine gemeinsame Abstammungsgruppe verstanden, sondern eine Gruppe von Menschen, die durch soziale und kulturelle Tradition (hauptsächlich auch durch gemeinsame Religion, Sprache und Wirtschaftsordnung) miteinander verbunden sind.

**Isolation by distance (Isolation durch Entfernung):** Wenn eine Art geografisch über einen weiten Raum verbreitet ist und die einzelnen Populationen noch lückelos über sexuellen Genaustausch miteinander verbunden sind, dann verlieren die geografisch weit voneinander entfernten Populationen ihre gegenseitige Fruchtbarkeit, obwohl sie noch zur selben Reproduktionsgemeinschaft gehören. Dieser Vorgang heißt „isolation by distance“. Zerreißt die Reproduktionsgemeinschaft, indem Verbreitungslücken entstehen, dann ist das „allopatrische“ Verbreitung.

**Klinaler Überschneidungsbereich:** Ein klinaler Bereich ist eine geografische Region, in der Rassen zusammentreffen und sich vermischen, weil es keine Reproduktionsbarrieren zwischen den Angehörigen verschiedener Rassen gibt.

**Mikrosatelliten:** Kurze, meist nicht-kodierende DNA-Sequenzen von zwei bis sechs Basenpaaren Länge, die im Genom eines Individuums oft wiederholt sind. In der Zahl der Wiederholungen unterscheiden sich sowohl Individuen als auch ganze Populationen voneinander.

**„Natural kind“:** Eine „natural kind“ (in der Natur vorkommende Gruppe) ist eine Klasse aus Dingen, die alle mindestens ein essentielles Merkmal gemeinsam haben, das diese Klasse definiert, so dass jedes Ding, das dieses Merkmal nicht hat, nicht zu dieser Klasse gehören kann. Dieses essentielle Merkmal muss eine Naturgesetzlichkeit beinhalten. Das ist der Fall bei der Protonenzahl eines chemischen Elements, nicht aber bei den Merkmalen einer Tierart. Die „natural kind“ ist (in unserem gegenwärtigen Weltall) weder an eine Zeit noch an einen Raum gebunden. Weil Arten und Rassen keine essentiellen Merkmale besitzen und weil Arten und Rassen zeit- und raumgebunden sind, also einmal entstanden sind und einmal wieder aussterben werden, sind es keine „natural kinds“.

**Single Nucleotide Polymorphism (SNP):** Variation eines einzelnen Basenpaares im Genom. SNPs können sowohl Individuen als auch ganze Populationen voneinander unterscheiden.

## Ausblick

Die Unterteilung der Arten in Rassen ist seit langer Zeit ein fester Bestandteil der zoologischen Taxonomie, die mit Rassen in zweistelliger Millionenzahl arbeitet. Rassen kommen bei fast allen Tierarten vor. Es gibt kaum Ausnahmen. Nur Arten, die auf einen ganz kleinen Raum beschränkt sind (Endemismen), oder Arten, die evolutionär neu entstanden sind, oder Arten, die nicht sesshaft und sehr mobil sind, haben keine Rassen. Rassen unterscheiden sich definitionsgemäß nicht durch eine Vielzahl von genetischen Unterschieden voneinander (dieses Missverständnis gilt es zu beseitigen), sondern sie unterscheiden sich oft nur in wenigen bestimmten Merkmalskombinationen, die die geografische Herkunft anzeigen. Beim Menschen dominiert in weiten Kreisen ein falsch verstandener Rassebegriff, der ein fatales Unheil anrichtet. Was hier zu Diskriminierung und Rassenhass führt, ist jedoch eine Vorstellung von einem Rassebegriff, den es überhaupt nicht gibt. Um der Gefahr der Diskriminierung bestimmter Gruppen entgegenzutreten, muss die Bevölkerung aufgeklärt werden, wie sich eine Rasse überhaupt von einer anderen unterscheidet und wie gering diese Unterschiede sind. Es ist der falsche Weg, dieser Aufklärung auszuweichen und die Existenz von Rassenunterschieden abzustrei-

ten. Für die humanmedizinische Forschung und die ärztliche Behandlung ist es wichtig, die Angehörigen verschiedener geografischer Herkunft zu unterscheiden, weil sie unterschiedliche genetisch fundierte Risikofaktoren gegenüber bestimmten Krankheiten haben und weil sie auf Medikamente unterschiedlich reagieren.

### Zusammenfassung

Würden sich alle Individuen einer Art rein zufällig miteinander paaren, so gäbe es innerhalb der Art keine genetisch verschiedenen Subgruppen, weil jedes Allel eines Gens gleichmäßig über das geografische Verbreitungsgebiet der Art verteilt wäre. Dies ist jedoch bei den meisten Tierarten nicht der Fall. Rassen sind durch Absonderung von Teilgruppen aus der Stammgruppe entstanden und unterscheiden sich daher in den meisten Genen kaum voneinander. Sie weichen nur in wenigen Rasse-charakterisierenden Merkmalen voneinander ab, die als Folge der selektiven Aussonderung in geografischer Distanz entstanden sind. Aus diesen Merkmalen kann die geografische Herkunft der Angehörigen einer Rasse hergeleitet werden. Die Rasse-unterscheidenden Merkmale sind also nicht subjektiv oder gar willkürlich ausgewählt, sondern es sind Adaptationen an die unterschiedlichen Lebensverhältnisse in unterschiedlichen geografischen Regionen. An der Kombination mehrerer solcher Merkmale sind Rassen zu erkennen und gegeneinander abzugrenzen. Da die Individuen verschiedener Rassen sich miteinander reproduzieren können, sind Rassen auf die Dauer nicht stabil und verschwinden allmählich, wenn sie die geografischen Grenzen überschreiten und in das Areal anderer Rassen einwandern. Beim Menschen ist der Rassebegriff umstritten, weil die Rassenunterschiede gering sind und als Folge der Globalisierung verschwinden. Populationsgenetische Untersuchungen haben aber ergeben, dass Menschen unterschiedlicher geografischer Herkunft auch heute noch Merkmalsgemeinsamkeiten haben, die eine Gruppenzuordnung möglich machen. Für die humanmedizinische Forschung und die Patientenbehandlung ist es wichtig, die unterschiedlichen genetisch fundierten Risikofaktoren in der Anfälligkeit für bestimmte Krankheiten zu berücksichtigen und Menschen mit unterschiedlicher geografischer Herkunft zu unterscheiden. Alle Kriterien, die zoologische Rassen definieren, sind auch auf menschliche Rassen anwendbar, so dass eine Zurückweisung des Rassebegriffs beim Menschen auch viele Tierarten mit einbeziehen müsste.

### Summary

#### Again and again misunderstood – The subdivision of species into races

If all individuals of a species would mate with one another purely by chance, there would be no genetically different subgroups within the species, because each allele of a gene would be evenly distributed over the geographical distribution area of the species. However, this is not the case with most animal species. Races originated by separating sub-

groups from the core group and therefore hardly differ from each other in most genes. They differ from each other only in a few race-characterizing features that arose as a result of the selective separation in geographical distance. The geographic ancestry of the members of a race can be traced from these characteristics. The race-distinguishing features are therefore not chosen subjectively or even arbitrarily, but are adaptations to the different environmental conditions in different geographical regions. Races can be recognized by the combination of such characteristics and differentiated from one another. Since the individuals of different races can reproduce with each other, races are not stable in the long run and gradually disappear when they cross the geographical boundaries and migrate into the area of other races. The concept of race is controversial in humans because race differences are small and disappear as a result of globalization. However, population genetic studies have shown that people of different geographical origins still have features in common that make group recognition possible. For human medicine research and patient treatment, it is important to take into account the different genetically based risk factors in the susceptibility to certain diseases and to differentiate between people with different geographical origins. All criteria that define zoological races can also be applied to human races, so that rejecting the concept of race in humans would also have to include many animal species.

### Schlagworte:

Taxonomie, Begriff der Rasse, Zoologie, Humangenetik, Medizin.

### Literatur

- [1] J. Mallet (2001). Subspecies, semispecies, superspecies, in: S. Levin (Ed.), Encyclopedia of biodiversity, Academic Press, London, 523–526.
- [2] N. Sesardic (2010). Race: a social construction of a biological concept, *Biology and Philosophy*, 25, 143–162.
- [3] J. del Hoyo et al., Handbook of the birds of the world, Vol. 1–16, Lynx Edicions, Barcelona, 1992–2011.
- [4] L. Gannett (2013). Theodosius Dobzhansky and the genetic race concept, *Studies in History and Philosophy of Science. Part C: Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences* 44, 250–261.
- [5] E. Mayr, P. D. Ashlock (1991). Principles of systematic zoology, McGraw Hill, New York.
- [6] B. Rensch (1995). Geographic races in zoology, *International Social Science Journal* 17, 128–130.
- [7] R. C. Lewontin (1972). The apportionment of human diversity, *Evolutionary Biology* 6, 381–398.
- [8] A. Templeton (2013). Biological races in humans, *Stud. Hist. Philos. Biol. Biomed. Sci.* 44, 262–271.
- [9] M. Fischer et al. (2019). Jenaer Erklärung – Das Konzept der Rasse ist das Ergebnis von Rassismus und nicht dessen Voraussetzung, *Biologie in unserer Zeit* 6, 399–402.
- [10] M. Pigliucci, J. Kaplan (2003). On the concept of biological race and its applicability to humans, *Philosophy of Science* 70, 1161–1172.
- [11] F. Calafell et al. (1998). Short tandem repeat polymorphism evolution in humans, *European Journal of Human Genetics* 6, 38–49.

- [12] N. H. Barton (1993). Hybrid zones: Why species and subspecies, *Current Biology* 3, 797–799.
- [13] T. B. Smith et al. (2001). Refugial isolation versus ecological gradients, *Genetica* 112–113, 383–398.
- [14] M.-C. King, A. G. Motulsky (2002). Mapping Human History, *Science* 298, 2342–2343.
- [15] N. Risch et al. (2002). Categorization of humans in biomedical research: genes, race and disease, *Genome Biology* 3.
- [16] N. A. Rosenberg et al. (2002). Genetic structure of human populations, *Science* 298, 2381–2385.
- [17] E. G. Burchard et al. (2003). The importance of race and ethnic background in biomedical research and clinical practice, *New England Journal Of Medicine* 348, 1170–1175.
- [18] W. Kunz (2018). Die Kunst, Organismen in Arten einzuteilen – Wohin steuert die Taxonomie?, *Biologie in unserer Zeit* 3, 170–178.
- [19] R. L. Lamason et al. (2005). SLC24A5, a putative cation exchanger, affects pigmentation in zebrafish and humans, *Science* 310, 1782–1786.
- [20] W. Kunz (2020). Rasse und Rassismus, *Novo Argumente für den Fortschritt*, 20.02.2020, 1–6.
- [21] A. Vonderach (2020). Die Dekonstruktion der Rasse. Sozialwissenschaften gegen die Biologie. Ares Verlag, Graz.
- [22] A. W. F. Edwards (2003). Human genetic diversity: Lewontin's fallacy, *BioEssays* 25, 798–801.
- [23] M. D. Edge, N. A. Rosenberg (2015). Implications of the apportionment of human genetic diversity for the apportionment of human phenotypic diversity, *Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences*, 52, 32–45.
- [24] P. E. Griffiths (1999). Squaring the Circle: Natural Kinds with Historical Essences, in: R. A. Wilson (Ed.), *Species: new interdisciplinary essays*, MIT Press, Cambridge, Massachusetts, 209–228.
- [25] A. M. Kanaya et al. (2011). Heterogeneity of diabetes outcomes among Asians and pacific islanders in the U.S. – The Diabetes Study of Northern California, *Diabetes Care* 34, 930–937.
- [26] J. F. Wilson et al. (2001). Population genetic structure of variable drug response, *Nature Genet.* 29, 265–269.
- [27] P. Carson et al. (1999). Racial differences in response to therapy for heart failure: analysis of the vasodilator-heart failure trials – Vasodilator-Heart Failure Trial Study Group, *Journal of Cardiac Failure* 5, 178–187.
- [28] W. Kunz (2012). *Do species exist? - Principles of taxonomic classification*, Wiley-VCH/Blackwell, Weinheim.
- [29] Q. Spencer (2014). A radical solution to the race problem, *Philosophy of Science* 81, 1025–1038.
- [30] J. Dupre (2008). What genes are, and why there are no genes for race, in: B. König, S. Lee, S. Richardson (Eds.), *Revisiting race in a genomic age*, Rutgers University Press, New Brunswick, NJ, 39–55.
- [31] T. A. C. Reydon, W. Kunz (2019). Species as natural entities, instrumental units and ranked taxa: new perspectives on the grouping and ranking problems, *Biological Journal of the Linnean Society*, 126, 623–636.
- [32] M. Ghiselin (1997). *Metaphysics and the origin of species*. State University of New York Press, New York.

### Der Autor



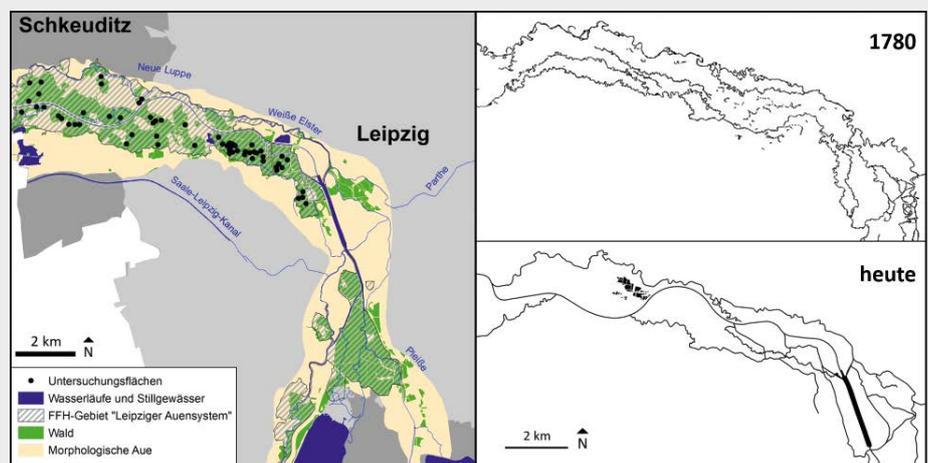
Werner Kunz ([www.kunz.hhu.de/](http://www.kunz.hhu.de/)) studierte in Münster Biologie, Chemie und Physik. Er begann sein Studium unter Anleitung von Bernhard Rensch und beschäftigte sich mit Rassenkreisen. Er promovierte dann über Chromosomen bei Insekten. Nach zwei Jahren als Gastwissenschaftler an der Yale-University in New Haven/USA arbeitete er als Professor für Allgemeine Biologie am Institut für Genetik an der Universität Düsseldorf über *Drosophila* und den Humanparasiten *Schistosoma*. Seit mehr als 10 Jahren befasst er sich wissenschaftstheoretisch mit dem umstrittenen Artbegriff in der Biologie und mit den theoretischen Grundlagen des Natur- und Artenschutzes. Er ist Autor mehrerer Bücher und Fachartikel und hat als Tierfotograf alle Erdteile bereist.

### Korrespondenz:

Prof. Dr. Werner Kunz  
Institut für Genetik  
Heinrich-Heine-Universität  
Universitätsstr. 1  
D-40225 Düsseldorf

## NACHTRAG

Nachtrag zum Übersichtsartikel „**Naturschutz und Klimawandel im Leipziger Auwald**“, erschienen in *BiuZ* 1/2021: Die Karte in Abb. 3 wurde in der online-Version des Artikels aktualisiert. Sie können das entsprechende PDF unter [www.biuZ.de](http://www.biuZ.de) herunterladen.



Warum das Konzept der Unterarten fragwürdig und das der Menschenrassen überholt ist

# Rasse ohne Realität

STEFAN RICHTER | TORBEN GÖPEL



www.pixabay.com

Anlässlich der 112. Jahrestagung der Deutschen Zoologischen Gesellschaft in Jena wurde die „Jenaer Erklärung – Das Konzept der Rasse ist das Ergebnis von Rassismus und nicht dessen Voraussetzung“ bekannt gegeben. Die Autoren betonen, dass der Nichtgebrauch des Begriffes Rasse – bezogen auf den Menschen – heute und zukünftig zur wissenschaftlichen Redlichkeit gehören sollte, da Menschenrassen keinerlei biologische Realität haben. Die Jenaer Erklärung ist nachfolgend in der Biologie in unserer Zeit publiziert worden [1]. Neben überwiegender Zustimmung hat die Erklärung auch Kritik erfahren, vereinzelt auch von Fachkollegen (W. Kunz, dieses Heft). Eine ausführliche Darstellung der wissenschaftlichen Grundlagen der Jenaer Erklärung ist inzwischen in den Mitteilungen der Deutschen Zoologischen Gesellschaft erschienen und frei zugänglich [2]. Hier sollen nur einige wenige, zentrale Aspekte noch einmal aufgegriffen werden. Im Zentrum steht dabei die Frage nach der biologischen Realität von Menschenrassen.

He wir zur Beantwortung dieser Frage kommen, müssen wir uns zunächst mit der Begrifflichkeit beschäftigen. Der Begriff Rasse wird heute nur noch in zwei Zusammenhängen verwendet, zum einen bei Haustieren, zum anderen beim Menschen. Da Haustiere aber Ergebnisse menschlicher Züchtung darstellen, wird im Englischen der viel geeignetere Begriff *breed* verwendet (im Deutschen wären die Begriffe Sorte oder Zucht/Züchtung wohl am ehesten angebracht), nur beim Menschen spricht man von *race*. Die besonderen Eigenschaften von Haustierrassen wurden von Fischer et al. [2] ausführlich behandelt und sollen hier nicht wieder aufgegriffen werden. Schon eine oberflächliche Beschäftigung mit dem Begriff *race* reicht aus, um zu erkennen, dass im angelsächsischen Sprachraum der Begriff auch heute noch kulturell überlagert ist. *Races* sind vorrangig soziale Konstrukte, die nur bedingt biologische Realität widerspiegeln sollen. Als „folk races“ haben sie Eingang in die Literatur gefunden [3–5]. Die beiden Arbeiten von Q. Spencer [4, 5] sind besonders lesenswert, da sie sich sowohl mit der vermeintlichen Realität einer biologisch begründeten als auch mit der sozialen Kategorie Rasse beschäftigen. Ein kulturell überlagerter Rassebegriff mit impliziten und häufig genug expliziten zuweisenden Wertigkeiten der einzelnen Rassen kennzeichnet auch die ganz überwiegende Sichtweise seit Beginn der Ausweisung von Menschenrassen [2]. Im (US-)Amerikanischen ist der Begriff *race* allgegenwärtig. So lässt sich erklären, dass Ernst Mayr in seinem kurzen Essay „The biology of race and the concept of equality“ [6], der sich an eine allgemeine Leserschaft und nicht an Biologen wendet, den Begriff *race* durchgehend verwendet, wenn auch mit dem Hinweis, dass die Begriffe „geographic race“ und „subspecies“ austauschbar sind. Auch Pigliucci & Kaplan [3] verwenden den Begriff *race* in ihrem Beitrag „On the concept of biological race and its applicability to humans“. Sie vertreten, dass es „*human natural races*“ durchaus gibt, diese aber als *ecotypes* (Ökotypen) existieren, die nichts mit den *folk races* zu tun haben – wir kommen darauf noch zurück.

## Der Rassebegriff in der Zoologie

Der Begriff „Rasse“ war in der Biologie nicht auf eine einzige allgemeingültige Definition bezogen und kämpft seit jeher mit Unschärfen in der Abgrenzung zu anderen Begriffen, wie Varietät, Population, Ökotyp, Morphe oder auch

Die mit einem grünen Pfeil markierten Begriffe werden im Glossar auf Seite 187 erklärt.

dem Artbegriff selbst. In der ersten Hälfte des 20. Jahrhunderts wurde die Darwinsche Evolutionstheorie durch Erkenntnisse der Populationsgenetik und Speziation maßgeblich zur Synthetischen Theorie der Evolution erweitert, so dass auch für die Systematisierung des Lebens neue Paradigmen Einzug in die systematische Zoologie hielten. Theodosius Dobzhansky beispielsweise kritisierte in diesem Zusammenhang die Definitionsvielfalt und entsprechende Unschärfe des Rassebegriffs in der Evolutionsbiologie [7]. Jedoch wandelte sich auch Dobzhanskys Rassekonzept mehrfach mit den Jahren [8], und auch er nutzte die Begriffe Rasse und Subspezies synonym für distinkte geografische Formen [7]. So ist die (auch historische) Synonymie dieser Begriffe etabliert [9, 10], und es setzte sich, nicht zuletzt durch die Arbeiten von Ernst Mayr, allmählich der Begriff der Subspezies durch [10].

In der Zoologie wird der Begriff Rasse oder das englische Pendant *race* schon lange nicht mehr verwendet. In dem Standardwerk „Grundlagen der zoologischen Systematik“ von Ernst Mayr ([11]; deutsche Übersetzung der 1969 erschienen „Principles of Systematic Zoology“; siehe auch [12]) sind es nur wenige Sätze, die auf eine Synonymie von „geografischer Rasse“ und Unterart und auf die Verwendung des Begriffs der „ökologischen Rasse“ hinweisen (S. 44–47). Das eigentliche biologische Phänomen wird unter dem Begriff der Unterart (Subspezies) diskutiert. Im offiziellen deutschen Text der Internationalen Regeln für die Zoologische Nomenklatur [13] – von Otto Kraus übersetzt – taucht der Begriff Rasse gar nicht auf, stattdessen wird der Begriff Unterart verwendet. Es stellt sich somit die Frage, warum der Begriff „Rasse“, der in der Zoologie (die Haustierkunde außer acht lassend) nun schon lange nicht mehr

verwendet wird, ausgerechnet auf den Menschen bezogen in einem biologischen Zusammenhang Anwendung finden soll. Der Verzicht auf den Begriff „Rasse“ sollte in einem zoologischen Kontext selbstverständlich sein. Das Mindeste, was festzustellen ist, ist dass der Begriff in der Zoologie seit langem überholt ist.

Nun soll es hier ja vorrangig nicht um Benennungen gehen, sondern um die dahinterstehenden Konzepte und die Frage nach ihrer biologischen Realität. Die Frage ist also, ob Unterarten reale biologische Einheiten sind, wobei wir uns auf die Zoologie beschränken und daran anschließend die Frage stellen, ob sich die Primatenart *Homo sapiens* in ähnlicher Art und Weise in Unterarten untergliedern lässt, wie dies bei vielen Reptilien, Vögeln und Säugetieren, wie z. B. beim Schimpansen (*Pan troglodytes*) erfolgt. Darüber hinaus ist zu fragen, ob die möglichen Unterarten beim Menschen zumindest in Annäherung

### DER VERZICHT AUF DEN BEGRIFF „RASSE“ SOLLTE IN EINEM ZOOLOGISCHEN KONTEXT SELBSTVERSTÄNDLICH SEIN

dem entsprechen, was allgemein als Menschenrassen angesehen wird. Wir wollen den Ansatz Ökotypen als Rassen aufzufassen hier nur kurz streifen [3]. Der Begriff Ökotyp hat ja tatsächlich seine frühere Entsprechung in jenem der „ökologischen Rasse“. Die konvergente Entstehung von Ökotypen und die vorgeschlagene Zuordnung von Individuen zu verschiedenen Ökotypen, d. h. zu verschiedenen Rassen [3] – z. B. neben einer hellhäutigen Rasse noch zu einer laktosetoleranten Rasse, beides Merkmale die mehrfach konvergent entstanden sind und keineswegs deckungsgleiche Gruppen umfassen – lassen ein solches Konzept fragwürdig erscheinen [2]. Insbesondere bleibt zu hinterfragen, warum das Konzept des Ökotypus heute noch mit dem Begriff der Menschenrasse korreliert werden soll, da es nicht nur dem allgemeinen Gebrauch von Menschenrassen (im Sinne der folk races) widerspricht, sondern auch der früheren Verwendung des Rassebegriffes (heute Unterart) in der Zoologie.

Dass Unterarten heute in der Zoologie, insbesondere auch in der Ornithologie, noch eine gewisse – manche würden auch sagen große – Bedeutung haben, ist sicherlich auch dem Einfluss Ernst Mayrs zuzuschreiben. In seinem Lehrbuch [11] geht er auf den Status der Unterart detailliert ein. „Im Hinblick auf die vielen Fälle falscher Benutzung des Terminus muß betont werden, daß die Unterart eine von der Art grundverschiedene Kategorie darstellt. Es gibt kein Kriterium zur Definition der Kategorie Subspezies, das nicht künstlich wäre. Die Unterart ist auch keine Evolutionseinheit, – es sei denn, sie stellt zugleich ein geografisches oder genetisches Isolat dar.“ (S. 45). Mayr schreibt hier also selbst, dass es sich bei Unterarten um künstliche Klassifizierungen, also Konstrukte im ontologischen Sinne handelt (s. u.). Dennoch definiert Mayr [11] die Unterart: „Eine Subspezies ist die Zusammenfassung phänotypisch ähnlicher Populationen einer

#### IN KÜRZE

- Der Begriff „Rasse“ wird in der modernen Zoologie seit Jahrzehnten nicht mehr verwendet. Er ist vollständig durch den Begriff Unterart ersetzt worden.
- Es gibt kein objektives Kriterium für die Zuordnung der Kategorie Unterart. Wenn die als Unterarten bezeichneten Taxa eigenständige evolutive Linien darstellen, können sie auch als eigene Arten betrachtet werden. Das ist häufig aber gar nicht der Fall.
- Ontologisch betrachtet stellen Unterarten Konstrukte dar, die keine biologische Realität besitzen. Dies unterscheidet sie ontologisch von Arten.
- Die fünf Blumenbachschen „Menschenrassen“ lassen sich nicht klar voneinander trennen. Sie sind offensichtliche Konstrukte des menschlichen Geistes.
- Es gibt beim Menschen auch keine anderen Populationen, für die sich ein Unterartstatus rechtfertigen lassen ließe. Das genetische Potpourri Menschheit lässt sich nicht sauber in Gruppen trennen.

Art, die ein geografisches Teilgebiet des Areal der Art bewohnen und sich taxonomisch von anderen Populationen der Art unterscheiden.“ (Auch in Mayr & Ashlock [12] wird an gleicher Stelle im englischen Original der Begriff *subspecies* gebraucht und nicht *race*). Ernst Mayr erläutert die Definition dann noch wie folgt: „Jede lokale Population ist von jeder anderen lokalen Population geringfügig verschieden [...] Es wäre widersinnig und würde zu einem nomenklatorischen Chaos führen, wollte man jede geringfügig verschiedene, lokale Population formell mit einem Trinomen belegen, wie es für Subspezies üblich ist. Deshalb können Unterarten nur benannt werden, wenn sie sich „taxonomisch“, d. h. durch ausreichende diagnostische morphologische Merkmale unterscheiden.“ Allein aus diesen Zitaten wird deutlich, dass sogar für Ernst Mayr als wichtigsten Proponenten von Unterarten die Zuweisung eines Unterartstatus ein artifizielles Hilfsmittel der Taxonomie darstellt. Für uns ist klar, dass eine Entscheidung, was „ausreichende diagnostische Merkmale“ sind, der Subjektivität und Willkür Tür und Tor öffnet und die Systematik in eine vorevolutionäre Typologie zurückführt.

Eine moderne Sicht auf das Unterartenproblem beschreibt Frank Zachos in seinem Buch „Species Concepts in Biology“ ([14], S. 137-141). Zachos betont, dass auch bei der Unterart – genauso wie bei der

Art – zwischen der Kategorie und dem Taxon unterschieden werden muss. Während die Subspezies als Kategorie ganz offensichtlich artifiziel ist, wäre ein Taxon Subspezies dann biologisch real, wenn es evolutionär und/oder ► phylogenetisch einen distinkten Teil einer Art darstellt, d. h. eine evolutionäre Linie innerhalb einer Art. Allerdings fügt er gleich an, dass die Zuordnung der Kategorie Subspezies „almost certainly“ das vorhandene intraspezifische hierarchische Muster innerhalb von Arten ignorieren wird. Dabei ist zu bedenken, dass tatsächlich gleichrangige Kategorien ja grundsätzlich nur an Schwestergruppen (der Begriff lässt sich innerhalb einer Art eigentlich nicht anwenden, sei hier aber zur Verdeutlichung gebraucht) vergeben werden kann, es also höchstens zwei Unterarten innerhalb einer Art geben könnte. Zachos [14] nennt durchaus Beispiele, bei denen – seiner Überzeugung nach – Unterarten reale biologische Einheiten darstellen. Besonders interessant ist hier ein Beispiel aus der Ornithologie, wo durch den Einfluss Ernst Mayrs besonders viele Unterarten beschrieben wurden. Ernst Mayr selbst hat 25 neue Vogelarten und 410 Unterarten beschrieben [15]. Phillimore & Owens [16] fanden bei einer globalen Analyse der Vogelunterarten nur 36 Prozent phylogenetisch distinkt, zeigen aber auch, dass kontinentale Unterarten eine geringere Wahrscheinlichkeit haben, genetisch distinkt zu sein, als Unterarten auf Inseln.

**ES WÄRE WIDERSINNIC (...), WOLLTE MAN JEDE GERINGFÜGIG VERSCHIEDENE, LOKALE POPULATION FORMELL MIT EINEM TRINOMEN BELEGEN, WIE ES FÜR SUBSPEZIES ÜBLICH IST**

An dieser Stelle muss nun darauf hingewiesen werden, dass der wissenschaftliche Diskurs in der Zoologie sich vom Ernst Mayrschen „Biologischen Artkonzept“ wegbeugt. Insbesondere durch das Aufkommen molekular-genetischer Methoden werden Arten immer mehr primär als ► evolutive Linie (Art) mit eigener, von anderen solchen Linien (Arten) unterschiedener Evolutionsgeschichte angesehen, wobei im Detail eine ganze Reihe von unterschiedlichen Artkonzepten miteinander konkurrieren [17]. Nach de Queiroz [18] können diese Konzepte unter einem „unified species concept“ zusammengefasst werden. Hier stellen vermeintliche Unterarten, sofern sie ► allopatrische Linien kennzeichnen, eigenständige Arten dar [17-19]. Ist das nicht der Fall, so handelt es sich nach de Queiroz [18, S. 209] um nichts anderes als „artificial divisions in continuous patterns of geographic variation“, also einer letztlich willkürlichen Kategorisierung ohne evolutive Bedeutung.

Nun werden – unbestrittenermaßen – Unterarten unterschieden, auch dann, wenn die klare Abgrenzung als allopatrische Einheiten nicht möglich ist; mag es aus Praktika-

bitätsgründen sein oder um den besonderen Status für Artenschutz und Management herauszustellen [14]. Außerdem ließe sich ja – so mag das Argument sein – eine gewisse Realität, die sich in morphologischen Unterschieden und geneti-

scher Diversität zeigt, von Unterarten nicht abstreiten. Ein schönes Beispiel stellen die Schimpansen dar, deren beschriebene Unterarten überwiegend aneinandergrenzen, ohne sich deutlich zu überschneiden (Parapatric); nur *Pan troglodytes verus* zeigt eine allopatrische Verbreitung zu den anderen Unterarten. Dieses Beispiel wurde von Fischer et al. [2] detailliert diskutiert. Dabei wurde auf die Problematik hingewiesen, dass es keine objektiven Kriterien gibt, um die Anzahl von Unterarten zu bestimmen, und dass ohnehin nur die geografische Separation die Idee (oder auch Hypothese) aufkommen ließe, dass hier Unterarten vorhanden sind. Es gibt keine „ausreichenden diagnostischen“ Unterschiede im Sinne Mayrs, von der allopatrischen *P. t. verus* abgesehen (auf deren grundsätzliche Willkürlichkeit wurde schon hingewiesen). Ein Großteil der genetischen Unterschiede besteht innerhalb einer Population (64,2%) und nur ein geringerer Anteil zwischen den Populationen verschiedener Regionen (30,1%) [20].

Ehe wir auf den Menschen zu sprechen kommen, wollen wir für das Tierreich festhalten: Gruppen, die als Unterarten beschrieben wurden, mögen reale evolutive Einheiten darstellen, sofern es sich um allopatrische, getrennte Linien handelt; viele Artkonzepte würden diese Einheiten als eigenständige Arten erkennen. Sofern es sich bei Unterarten um ► parapatrische Gruppierungen handelt, zwischen denen Genfluss stattfindet, kommt eine

noch größere Willkür ins Spiel: Weder gibt es ein absolutes Maß genetischer Unterschiede, welches objektiv zur Feststellung eines Unterartstatus herangezogen werden könnte, noch einen eindeutigen Grad der morphologischen Unterschiedlichkeit, die eine Kennzeichnung als Unterart rechtfertigt. Ganz offensichtlich besteht hier auch die Gefahr des Zirkelschlusses. Es werden bestimmte einzelne Merkmale identifiziert, die einem geografischen Muster entsprechen, um dann damit die Existenz geografischer Unterarten vermeintlich zu belegen. Dass hierbei viele Merkmale ausgeblendet werden, die eben dieser Einteilung widersprechen, verstößt somit nicht nur gegen das *Requirement of Total Evidence* (also dem wissenschaftlichen Prinzip alle verfügbaren Informationen für die Schlussfolgerung einzubeziehen und nicht nur jene, die gerade passen), sondern führt zu einem Zirkelschluss.

Nun wird behauptet, dass Unterarten Gruppen mit evolutiver Bedeutung sind, da auf ihren Unterarten-spezifischen Merkmalen ein positiver Selektionsdruck zu wirken scheint, der diese Gruppen aufrechterhält. Selektion allerdings wirkt zunächst nur auf das einzelne Individuum, erst in weiteren Schritten führt sie zur Veränderung innerhalb von Populationen. Durch gleiche Selektionsdrücke (z. B. im selben Habitat) können sich über längere Zeiträume zwar durchaus Gruppen von Individuen mit ähnlichen Merkmalen bilden, evolutive Einheiten stellen diese jedoch nur dann dar, wenn sie allopatrisch separiert sind [11]. Ernst Mayr ([21], S. 389) betont: „Der Begriff der entstehenden Art ist also nur lose mit den infraspezifischen Kategorien der Taxonomen verknüpft. Was bei der Speziation in Wirklichkeit zu untersuchen ist, sind geografische Isolate.“

### Gibt es Unterarten (Rassen) beim Menschen?

Wie viele und welche Menschenrassen zu unterscheiden seien, hat sich in der Geschichte mehrfach gewandelt, Ernst Haeckel ging sogar von einer Vielzahl von Menschenarten aus [2]. Allerdings lässt sich wohl festhalten, dass es die Blumenbachschen Kontinentalrassen sind, die von den meisten Menschen mit dem Begriff Menschenrassen in Verbindung gebracht werden: „1. Die caucasische Rasse, 2. die mongolische Rasse, 3. die äthiopische Rasse, 4. die americanische Rasse und 5. die malayische Rasse“ [22]. Wenn auch mit Vorbehalt und durchaus differenziert, erklärte Blumenbach die „Europäer und westlichen Asiaten ... nebst den Nord-Africanern“ für „mehr oder weniger weiß“, die „übrigen Asiaten ... nebst den nordlichsten Americanern“ für „meist gelbbraun“, die übrigen

Africaner“ für „mehr oder weniger schwarz“, die „übrigen Americaner“ für „meist von kupferrother Farbe“ und die „Südsee-Insulaner“ für „meist schwarzbraun“ ([23], S. 82–83). Da hier die geografische Zuordnung zugleich Teil des Konzeptes ist, steht die Frage, ob es sich hierbei um geografische Unterarten handeln kann, im Zentrum unserer nachfolgenden Betrachtung.

Bereits als Blumenbach seine fünf Rassen des Menschen unterschieden hat, war ihm bewusst, dass zwischen den vermeintlichen Rassen eine beliebige Anzahl von Zwischenformen

existiert und die morphologischen Unterschiede eigentlich Gradienten darstellen. Ein ganz offensichtliches Beispiel ist ja die Hautfarbe, deren Zuordnung zu den fünf Blumenbachschen Rassen recht willkürlich war, und die sich mehrfach und in kurzen Zeiträumen evolutiv verändert hat. Ohnehin stellt die Intensität der Pigmentierung der Haut ein Kontinuum dar, ähnlich wie die Farben des Farbenkreises. Gerade hier muss jede Unterscheidung distinkter Gruppen scheitern. Eine detaillierte Auseinandersetzung und Zitate finden sich bei Fischer et al. [2]. Die Blumenbachschen Kontinentalrassen fanden dann eine vermeintliche Unterstützung durch die sogenannte Kandelaber-Hypothese zur multiregionalen Entstehung des modernen Menschen aus verschiedenen Populationen des *Homo erectus*. Diese Hypothese ist jedoch falsch [24].

Der letzte gemeinsame Vorfahre aller heute lebender Menschen hat vor ca. 150 000 Jahren gelebt – morphologische *Homo sapiens* mögen älter sein – die nicht-afrikanischen Men-

schen gehen auf einen ca. 55 000 Jahre alten Auswanderer aus Afrika zurück. Nun wären diese Zeiträume theoretisch sicher ausreichend, um allopatrische Unterarten auszubilden. Es muss jedoch betont werden, dass es keinerlei Hinweise darauf gibt, dass eine der Blumenbachschen Rassen – die ja die heute bzw. im 18. Jahrhundert existierende Menschheit repräsentieren sollen – über einen längeren Zeitraum in Allopatrie oder auch nur Parapatie von den anderen Rassen existierte. Wanderungsbewegungen und Bevölkerungsaustausche gab es lange vor dem Kolonialismus. Ein Großteil der genetischen Diversität ostafrikanischer und südafrikanischer Populationen stammt von eurasischen Rückwanderern der letzten 3000 Jahre. Nicht nur die verschiedenen Gruppen des modernen Menschen zeigen globalen Genfluss, auch Neandertaler- und Denisovaner-Gene finden sich signifikant in Menschen aller nicht-afrikanischen Regionen (in Ostasien und australischen Ureinwohnern übrigens in höherem Anteil als in Europäern). Dass sich aber Neandertaler-Gene ebenso

## WEDER GIBT ES EIN ABSOLUTES MAß GENETISCHER UNTERSCHIEDE, (...) NOCH EINEN EINDEUTIGEN GRAD DER MORPHOLOGISCHEN UNTERSCHIEDLICHKEIT, DIE EINE KENNZEICHNUNG ALS UNTERART RECHTFERTIGT

## DAS GENETISCHE POTPOURRI MENSCHHEIT LÄSST SICH NICHT SAUBER IN GRUPPEN TRENNEN

in den Genomen von Massai nachweisen lassen, veranschaulicht die stete Durchmischung aller Menschengruppen in den letzten 100 000 Jahren [25]. Das genetische Potpourri Menschheit lässt sich nicht sauber in Gruppen trennen. Hier sei jedem das Buch von Johannes Krause (mit Thomas Trappe) „Die Reise unserer Gene“ [24] empfohlen.

Nun ließe sich ja einwenden, dass, wenn auch nicht die fünf Blumenbachschen Menschenrassen, die Kriterien von Unterarten erfüllen (auf die allgemeine Willkürlichkeit dieser Kriterien haben wir bereits mehrfach hingewiesen), andere Gruppen innerhalb des Menschen jedoch möglicherweise als Rassen bezeichnet werden könnten. In der Tat folgt die genetische Unterschiedlichkeit vor allem einem geografischen Muster in Form eines Gradienten, z. B. entsprechen die genetischen Unterschiede zwischen Europäern der Geografie des Kontinents [1]. Auch kann durch quantitative Verfahren die Region der Abstammung der eigenen Gene mit einer gewissen Genauigkeit bestimmt werden; Rückschlüsse auf den Phänotyp oder genauere Implikationen sind jedoch nicht möglich [24, 26]. Und allopatrische Inselepopulationen scheint es – allerdings nur in einer groben Näherung – durchaus zu geben. Die Einwohner von Sardinien, die Sarden, scheinen genetisch weitgehend von den übrigen Europäern isoliert [24]. Wir halten aber mit Ernst Mayr [11] fest, dass es widersinnig wäre, jede „geringfügig verschiedene, lokale Population“ als Rasse/Unterart anzusehen. Wir werden auf diesen Aspekt zum Ende unseres Beitrages zurückkommen.

### Der ontologische Status von Taxa

Naturwissenschaftlerinnen und Naturwissenschaftler aller Disziplinen eint der Realismus als zentrales metaphysisches Paradigma. Zwar mögen die genauen Vorstellungen über Realität und unsere Wahrnehmung dieser durchaus unterschiedlich sein, die Existenz einer Realität außerhalb unserer Wahrnehmung stellt jedoch die Voraussetzung der naturwissenschaftlichen Arbeit dar. Das Verständnis der Natur als Realität, also Beschreibung und Erklärung ihrer Bestandteile, Prozesse und Phänomene ist dabei das fundamentale Ziel der Naturwissenschaft [27, 28]. In der Darstellung der wissenschaftstheoretischen Grundlagen folgen wir weitgehend den Überlegungen von Martin Mahner und Mario Bunge (zusammengefasst in „Philosophische Grundlagen der Biologie“ [29]). In der Wissenschaftsphilosophie lassen sich real existierende Dinge (auch als ontologische Individuen bezeichnet) von Klassen unterscheiden (Abbildung 1). Während nun die meisten Klassen Konstrukte des menschlichen Geistes sind, werden andere Klassen durch natürliche Eigenschaften definiert, deren Existenz unabhängig vom menschlichen Erkenntnisapparat ist, wie z. B. Mineralien. Diese Klassen werden dann als Natural Kinds (natürliche Sorten) bezeichnet. Wenn von „Gruppenbildung“ oder Klassifizierungen im Rahmen einer biologischen Systematik gespro-

**ABB. 1 | ONTOLOGISCHER STATUS DER WESENTLICHEN EINHEITEN DER BIOLOGISCHEN SYSTEMATIK**



**Es können Dinge (konkrete, reale Objekte) von Klassen (abstrakte Objekte) unterschieden werden. Individuen, d. h. einzelne Organismen, stellen Dinge dar, ebenso wie Populationen, da diese als integrale Systeme agieren. Es können ferner zwei verschiedene Arten von Klassen unterschieden werden: Natural Kinds (Natürliche Sorten) sind Klassen, die durch Eigenschaften definiert sind, die natürlichen Gesetzmäßigkeiten folgen. Dies sind Arten und monophyletische Taxa, die durch ihre exklusive Abstammung definiert sind. Konstrukte hingegen sind menschengemachte Klassifizierung, d. h. die definierten Kriterien folgen keinen natürlichen Gesetzmäßigkeiten, sondern entspringen der willkürlichen Klassifikation des menschlichen Geistes. Para- und polyphyletische Gruppierungen sowie Subspezies („Rassen“) stellen solche Konstrukte dar, da sie aufgrund einzelner, ausgesuchter Merkmale gruppiert werden.**

chen wird, so ist aber zu bedenken, dass die Klassifizierung lebendiger Dinge in der Biologie inhärente Unterschiede zur Klassifizierung lebloser Objekte aufweist [29].

► Monophyla (geschlossene Abstammungsgemeinschaften) sind Natural Kinds (Abbildung 1), deren definitorische Eigenschaften in der gemeinsamen phylogenetischen Abstammung liegen [29]. Die manifestierten Folgen dieser Abstammung, also die materiellen ► Autapomorphien dieser Monophyla dienen dabei als operationales Hilfsmittel zum Erkennen dieser phylogenetischen Beziehungen, auch wenn sie nicht bei allen Subtaxa ausgeprägt sein mögen. So fehlt den Delfinen die Säugetier-Autapomorphie „Haare“, dennoch sind sie Säugetiere. Von einem ontologischen Standpunkt also ist für die phylogenetische Systematik die Abstammung das entscheidende Kriterium. Damit geht auch einher, dass ► Paraphyla („Reptilien“, „Menschenaffen“) keine Natural Kinds darstellen [29, 30], da die Abgrenzung willkürlich ist und die operationalen Eigenschaften, die ► Plesiomorphien, nur eine Teilmenge einer Abstammungsgemeinschaft klassifizieren [29, 31]. Die taxonomischen Ränge oberhalb der Art (Gattung, Familie, Ordnung, etc.) mögen der angewandten Taxonomie manchmal dienlich sein, entsprechen jedoch keiner Realität, die über ihren möglichen Status als Monophylum und damit als Natural Kind hinausgeht. Der Rang der „Familie“ ist ebenso wenig real wie die Kategorie der „Gattung“. Auch die Gattung ist ein rein operationaler Rang, und verschiedene Gattungen sind ebenso wenig vergleichbar wie verschiedene Familien, Infraordnungen, Subklassen oder Stämme [29]. Es ist vollständig beliebig, ab welcher äußer-

lichen Unterschiedlichkeit Arten in unterschiedliche Gattungen eingeteilt werden. Die hier angelegte Grenze ist ebenso künstlich wie alle anderen Kategorien, vielleicht mit Ausnahme der Art.

Ob Arten Dinge (Individuen) oder (wie Monophyla) Natural Kinds darstellen, ist umstritten [14, 29, 32, 33] und untrennbar mit der Diskussion über Artkonzepte verbunden. Unstrittig ist, dass supraindividuelle Entitäten durchaus Dinge (Individuen) im ontologischen Sinne darstellen können. So sind nicht nur Kolonien bestehend aus zahlreichen einzelnen Organismen ein solches „komplexes Ding“ oder „System-Ding“ (z. B. Staatsqualen wie die Portugiesische Galeere, *Physalia physalis*), sondern auch Populationen, die als integrale Systeme funktionieren [29]. Die einzelnen Organismen sind hierbei streng genommen nicht als Mitglieder, sondern als Bestandteile der Population anzusehen, also als ein „funktionierender“ Part des Systems als solchem. Je nach angewandtem Artkonzept können Art und Population letztlich zusammenfallen, wodurch die Art durchaus zum System-Ding würde [30]. Wenn Arten kein integrales System darstellen, sind sie Natural Kinds, vergleichbar den Monophyla [29]. Die Evolution und das Aussterben von Arten sind dagegen keineswegs endgültige Argumente für Arten als Dinge (auch „historisches Individuum“, z. B. [34]). So sind Entstehen und Aussterben von Arten durchaus kompatibel mit der Vorstellung von Arten als Natural Kinds, da dies keine Veränderung der Definition der Art, sondern lediglich eine Veränderung ihrer Mitglieder durch Erlöschen oder Entstehen ihrer jeweiligen Existenz als Individuum darstellt. So verändert sich die Klasse „Äpfel“ als solche auch nicht durch jedes Verspeisen eines Apfels. Ultimativ kann dies auch dazu führen, dass keine Mitglieder solch einer Klasse mehr existieren, die Klasse also leer ist. Auch supraspezifische Taxa können im Zuge der Evolution alle ihre Mitglieder verlieren (z. B. Vogelbeckendinosaurier (Ornithischia) oder Seeskorpione (Euryptera)).

Was genau eine Art ist, lässt sich vielleicht gar nicht für die gesamte belebte Natur in einem einzigen Konzept ausdrücken, zumindest nicht, wenn dieses Konzept in der Praxis auch zum Erkennen von Arten anwendbar sein soll. Es ergibt sich eine Zweiteilung in ontologische Artkonzepte, die die Realität in Worte zu fassen versuchen, sowie operationale Artkonzepte, deren Anwendung in der Praxis dem Erkennen von realen Arten dienen soll [14]. Werden Arten als evolutive Linien aufgefasst – oder als „äußere Grenze“, innerhalb derer reproduktive (tokogenetische) Beziehungen bestehen – so hilft das in der angewandten Taxonomie vielleicht nicht weiter, aber es begreift die Art als ein Taxon, das sich inhärent von Taxa aller anderen supra- wie auch subspezifischen „Rängen“ unterscheidet. Der ontologische Status von Arten hat aber keinerlei Ein-

fluss auf den ontologischen Status von Unterarten (Rassen). Beide Konzepte sind grundverschieden, wie schon von Ernst Mayr betont wurde [11]. Spricht man von der Definition von Unterarten (Rassen), so macht sie dies eindeutig zu Klassen, da Dinge im ontologischen Sinne nicht definiert werden können [35]. So können wir beispielsweise Angela Merkel nicht anhand ihrer Eigenschaften definieren, sondern sie lediglich als Individuum erkennen (ostensiv: „Das ist Angela Merkel.“) und ihre individuellen Eigenschaften beschreiben.

Damit Unterarten im Allgemeinen und Menschenrasen im Besonderen also nicht nur bloße Konstrukte, also erfundene Klassen des menschlichen Geistes, sondern Klassen in Abbildung einer natürlichen Realität darstellen, müssten sie als Natural Kind einer natürlichen Gesetzmäßigkeit folgend definiert sein (also in der Systematik anhand exklusiver, gemeinsamer Abstammung [29]). Dies

trifft aber, wenn überhaupt, nur auf allopatrische Linien innerhalb der Arten des Biospezieskonzepts (welche wie bereits erwähnt als eigenständige Arten in phylogenetisch/evolutiven Artkonzepten aufgefasst

würden) zu, aber sicherlich auf keine Einteilung von Menschenrasen (und generell auf keine gängige Definition von Rassen insgesamt [26], Kap. 11). Somit sind nicht nur die Kontinentalrassen Blumenbachs, sondern alle anhand einzelner morphologischer, ethologischer oder genetischer Merkmale postulierten „Rassen“, die der (mithilfe von Genomsequenzierung entschlüsselten) phylogenetischen Verwandtschaft widersprechen, in der Typologie des 18. und 19. Jahrhunderts verbliebene Konstrukte, welche keiner phylogenetisch-systematischen Realität entsprechen.

### „Menschenrasen“ und Medizin

Die statistisch ungleiche Verteilung medizinischer Phänomene oder Risikofaktoren ist der neueste Versuch, die Existenz bzw. Unterscheidung von Menschenrasen zu rechtfertigen. Es soll hier keineswegs die genetische Unterschiedlichkeit von verschiedenen menschlichen Populationen und die damit potenziell einhergehende Unterschiedlichkeit ihrer Physiologie in Abrede gestellt werden. Wie sich jedoch zeigen wird, sprechen diese vermeintlichen Argumente zur Legitimierung von Rasseneinteilungen vielmehr für eine individuelle Medizin. Hierzu einige Beispiele:

Dass Risikofaktoren, wie die ▶ Faktor-V-Leiden-Mutation geografisch ungleich verteilt sind, ist medizinisch durchaus relevant, rechtfertigt aber sicher keine Einteilung der Menschen in Rassen. Schon am theoretischen Konzept einer Gruppeneinteilung, in welcher das differenzialdiagnostische Merkmal bei der überwältigenden Mehrheit der Menschen beider Gruppen fehlt, die durch dieses Merkmal angeblich unterschieden werden können, wird

## ES IST VOLLSTÄNDIG BELIEBIG, AB WELCHER ÄUSSERLICHEN UNTERSCHIEDLICHKEIT ARTEN IN UNTERSCHIEDLICHE GATTUNGEN EINGETEILT WERDEN

deutlich, dass weder das Merkmal als evolutive Errungenschaft einer dieser Gruppen dienen kann, noch das Vorhandensein oder Fehlen dieses Merkmals der rein praktischen Zuordnung zu einer angeblichen Rasse hilft. Dass gezielt solche Merkmale mit geografischem Verteilungsmuster (wie auch z. B. die Sichelzellenanämie, welche jedoch in Regionen Indiens genauso häufig auftritt, wie im tropischen Afrika und daher in erster Linie mit der Malariaprävalenz korreliert) gesucht werden, um ein Konzept von geografischen Rassen zu bestätigen, während gleichzeitig der Rest des Genoms (und die damit auftretenden Widersprüche [24]) ignoriert wird, ist erkenntnistheoretisch zumindest fragwürdig.

Ein weiteres medizinisches Phänomen, welches in Zusammenhang mit einer Rasseneinteilung diskutiert wird, ist die Inzidenz von Prostatakrebs [26]. In den USA haben Männer afrikanischer Herkunft ein 1,7-mal höheres Risiko, an Prostatakrebs zu erkranken [26]. Dieses erhöhte Risiko korreliert dabei mit dem genetischen Risikofaktor *8q24* [26], der sich häufiger in amerikanischen Männern afrikanischer Herkunft findet als in Männern europäischer Herkunft. Die Ursache wurde hierbei in der westafrikanischen Abstammung vermutet [26]. Diese ungleiche Inzidenz der Krebserkrankung und die Ungleichverteilung des Risikofaktors mag von medizinischer Bedeutung sein. Ein stichhaltiges Argument für etwaige Rasseinteilungen lässt sich daraus jedoch nicht ableiten. Die Datenlage zur Inzidenz von Prostatakrebs in Afrika zeigt (wenn sie auch nicht so umfangreich ist wie für Europa oder Nordamerika), dass die Inzidenz nicht nur zwischen verschiedenen Regionen Afrikas stark schwankt [36], sondern auch, dass gerade in Westafrika die Inzidenz von Prostatakrebs im Vergleich mit anderen Regionen Afrikas auffällig niedrig zu sein scheint [37]. Der traditionellen Blumenbachtischen Einteilung in fünf Rassen widerspricht das Phänomen Prostatakrebs in jedem Fall, aber auch jegliche Ableitung kleinerer Gruppen (z. B. „Westafrikaner“) lässt sich nicht plausibel begründen.

Letztendlich könnten einzelne Familien mit seltenen Erbkrankheiten in den Rang einer separaten Rasse erhoben werden, so z. B. die Nachkommen von Martin und Elisabeth Fugate (Kentucky, frühes 19. Jahrhundert [38]), welche durch Zufall beide heterozygote Träger des Allels für Methämoglobinämie waren. Vier ihrer Kinder trugen dieses Allel homozygot und entwickelten die charakteristische blaue Hautfarbe. In der abgeschiedenen Bergregion am Troublesome Creek in Kentucky tauchten bis ins

20. Jahrhundert Nachkommen der Fugates mit homozygotem *met-H*-Allel und entsprechend blauer Haut auf; die „Blauen Fugates“ oder in der vermeintlichen Logik der zuvor genannten Beispiele die „Kentuckianer der Appalachenregion“ aufgrund der höheren Häufigkeit dieses Allels als eigene Rasse zu klassifizieren, ist unseres Wissens nach noch keinem Verteidiger der Rassenunterteilung beim Menschen eingefallen.

Das Medikament BiDil als erstes „rassespezifisches“ Medikament schlug durchaus hohe Wellen. Dabei steht der Zulassungsprozess aufgrund seiner zugrundeliegenden Studien durchaus in der Kritik. In der Originalstudie, wurde die Wirkstoffkombination lediglich bei 49 schwarzen Patientinnen und Patienten untersucht, eine Stichprobengröße, die in der Medizin nicht für robuste statistische Aussagen ausreicht [39]. In der für die Zulassung maßgeblichen Studie (die vorzeitig abgebrochen wurde) wurden ausschließlich schwarze Probandinnen und Probanden untersucht [39], eine Aussage über eine geringere Wirkung bei Weißen ist somit kaum machbar [40]. Inwiefern in diesem Fall die patentrechtliche Situation und kommerzielle Interessen eine große, vergleichende Studie mit Probandinnen und Probanden unterschiedlichen Phänotyps verhindert haben, darf durchaus diskutiert werden [39], tätigte doch Studienleiter Jay Cohn selbst die Aussage, dass BiDil vermutlich bei Menschen aller „Rassen“ wirke [40]. Eine Arbeit, welche Medikamentenstudien mit postulierten differenziellen Eigenschaften bei Menschen unterschiedlicher Herkunft genauer untersuchte, zeigte, dass sich die wenigsten dieser berichteten Unterschiede

als so evident herausstellten wie ursprünglich behauptet [41]. Unterm Strich bleibt festzuhalten, dass „Rasse“ (oder was man dafür hält) nur ein schwacher Proxy ist, um in der Praxis auf den Genotyp von Patientinnen und Patienten schließen zu können [42] sowie dass die Notwendigkeit einer individuellen Medizin mit Genotypisierung offensichtlich ist [43].

als so evident herausstellten wie ursprünglich behauptet [41]. Unterm Strich bleibt festzuhalten, dass „Rasse“ (oder was man dafür hält) nur ein schwacher Proxy ist, um in der Praxis auf den Genotyp von Patientinnen und Patienten schließen zu können [42] sowie dass die Notwendigkeit einer individuellen Medizin mit Genotypisierung offensichtlich ist [43].

### Von dem Bedürfnis, Menschen in Rassen zu unterteilen

Für uns steht es außer Zweifel, dass es Menschenrassen als geografische Unterarten nicht gibt, ja nie gegeben hat. Das Konzept der Unterarten in der Zoologie ist bestenfalls vage und hält einer kritischen Überprüfung nicht stand, sobald man es auf parapatrische Gruppen anwendet, die keine eigenständigen evolutiven Linien darstellen. Die Willkürlichkeit der Zuordnung einer Kategorie Unterart

**UNTERM STRICH BLEIBT FESTZUHALTEN,  
DASS „RASSE“ NUR EIN SCHWACHER PROXY IST,  
UM IN DER PRAXIS AUF DEN GENOTYP VON  
PATIENTINNEN UND PATIENTEN SCHLIESSEN  
ZU KÖNNEN**

**UNTERARTEN UND INSBESONDERE  
MENSCHENRASSEN SIND KONSTRUKTE DES  
MENSCHLICHEN GEISTES UND HABEN KEINE  
BIOLOGISCHE REALITÄT**

(oder historisch geografische Rasse) ist schon von Ernst Mayr erkannt worden. Unterarten und insbesondere Menschenrassen sind Konstrukte des menschlichen Geistes und haben keine biologische Realität; sie sind keine Natural Kinds und erst recht keine Dinge im Sinne von Mahner & Bunge [29]. Das gilt für die Blumenbachschen Rassen, wie auch für andere, kleinteilige Gruppierungen. Warum sollten nun die Einwohner aller abgeschiedenen ländlichen Regionen und aller Inseln plötzlich eigenständige Unterarten (Rassen) darstellen, nur weil sich (alleine schon aufgrund der begrenzten Migration) gewisse Genhäufigkeiten von denen anderer solcher Regionen unterscheiden? Die von Mayr [11] geforderte taxonomische Differenz (die als Einschätzung durch einen Bearbeiter ohnehin Willkür in Reinstform darstellt) kann dort erst recht nicht gefunden werden. Die sich somit aus der Abkehr von phylogenetischen Entitäten ergebende Notwendigkeit des Ziehens artifizierender Grenzen untermauert die Künstlichkeit des Konstruktes von Unterarten/Rassen, und getrennte phylogenetische Einheiten gibt es beim Menschen mit seinen immerwährenden und heute noch andauernden Wanderungsbewegungen nicht. Das Bedürfnis des Klassifizierens scheint dem Menschen eigen zu sein [44], das Bedürfnis dabei den Begriff der Rasse beim Menschen als biologische Realität beibehalten zu wollen, mag eher historisch und soziologisch begründet sein.

### Zusammenfassung

Die große Mehrheit der Biologen lehnt die Untergliederung des Menschen in verschiedene „Rassen“ ab. Vereinzelt wird jedoch auf die Vergleichbarkeit mit anderen Wirbeltieren, z. B. Vögeln, verwiesen, bei denen „geografische Rassen“ beschrieben wurden. Der Begriff der (geografischen) Rasse wird aber in der wissenschaftlichen Zoologie seit Jahrzehnten nicht mehr benutzt, er ist vollständig durch den Begriff Unterart (Subspezies) ersetzt worden; eine ausschließliche Verwendung bei Menschen verbietet sich schon aus diesem Grund. So gesehen kann die Frage nur lauten, ob es beim Menschen (Homo sapiens) Unterarten gibt. Die Zuordnung der Kategorie Unterart zu einer Gruppe von Populationen ist in jedem Fall eine subjektive Entscheidung des Bearbeiters. Es gibt kein absolutes Maß genetischer oder morphologischer Unterschiede, welches zur Feststellung eines Unterartstatus herangezogen werden könnte. Ontologisch betrachtet stellen solche Unterarten Konstrukte dar, die keine biologische Realität besitzen. Dies unterscheidet sie ontologisch von Arten, welche je nach Artkonzept Natural Kinds oder sogar Dinge darstellen. Auf den ersten Blick erscheinen die von J. F. Blumenbach unterschiedenen fünf „Kontinentalrassen“ des Menschen wie Unterarten. Zwischen diesen vermeintlichen Rassen existiert aber eine beliebige Anzahl von Zwischenformen, die morphologischen Unterschiede sind keineswegs distinkt. Schon daraus wird deutlich, dass die Blumenbachschen Rassen Konstrukte des menschlichen Geistes sind und keine biologische Realität haben. Die genetische Variabilität des Menschen wurde schon lange vor Kolonialismus und

Globalisierung durch Wanderungsbewegungen und Bevölkerungsaustausche beeinflusst. Moderne Genomanalysen zeigen globalen Genfluss, was jeder Einteilung in unterschiedliche Rassen widerspricht. Dass eine Unterteilung in Menschenrassen eine medizinische Bedeutung haben könnte, erscheint zweifelhaft. Natürlich sind auch die Häufigkeiten medizinisch relevanter Allele nicht gleichmäßig über die Menschheit verteilt, aber auch hierbei handelt es sich um Gradienten. Bei der Grenzziehung bleibt die gleiche Willkür wie bei anderen Merkmalen. Die Zukunft gehört einer individuellen Medizin mit Genotypisierung des Einzelnen.

### Summary

#### Why the concept of subspecies is questionable and that of human races obsolete

The vast majority of biologists reject the differentiation of humans into “races”. Occasional reference is made to other vertebrates, such as birds, for which “geographic races” have been described, but the term (geographic) race is not actually used in zoological science anymore and has been fully substituted by the term subspecies. For that reason alone, the use of the term race with exclusive regard to humans is inappropriate. The question then arises of whether there are different subspecies within Homo sapiens. The attribution of the status “subspecies” to a group of populations is entirely arbitrary and subjective. There is no rationale as to the degree of genetic or morphological difference necessary for the assignment of subspecies status. Ontologically, subspecies are constructs which are completely lacking biological reality. In this regard they differ substantially from species, which – depending on the underlying species concept – are natural kinds or even things. At first glance, the continental races proposed by J. F. Blumenbach appear to be the human equivalent to subspecies. However, Blumenbach’s “races” do not display distinct characters but occupy a continuum on which it is impossible to draw clear boundaries. This makes it evident that they are constructs of the human mind and not based on biological reality. The genetic variability of modern humans has been influenced by large-scale migrations which have been taking place since the emergence of the species, not just since the era of colonization and globalization. Modern genome analyses reveal gene flow on a global scale which completely contradicts the notion of distinct human races. There seems to be little benefit in racial classification for medical purposes, either, as while allele frequencies are not distributed equally, they also form gradients rather than distinct patterns, making classification just as arbitrary as classification on the basis of other characters. The future lies in individualized medicine based on patient-specific genotyping.

### Schlagnworte:

Unterart, geographische Rasse, taxonomische Differenz, Ding, Natural Kind, Konstrukt, Ornithologie, individuelle Medizin.

## GLOSSAR

**allopatrisch:** Populationen oder Arten mit geografisch klar getrenntem Verbreitungsgebiet (z. B. durch Barrieren wie Gebirge oder Ozeane).

**Autapomorphie:** evolutiv abgeleitetes („neues“) Merkmal, das in der Stammart eines Monophylums vorhanden war und somit charakteristisch für dieses Monophylum ist (z. B. Milchdrüsen als Autapomorphie der Mammalia).

**Evolutive Linie (Art):** Kontinuierliche Abstammungslinie von Populationen mit eigener evolutiver Geschichte, getrennt von anderen evolutiven Linien.

**Faktor-V-Leiden-Mutation:** Mutation des Blutgerinnungsfaktors V als erblicher Risikomarker für Thrombose; benannt nach der niederländischen Stadt Leiden, dem Ort der Entdeckung.

**Monophylum:** geschlossene Abstammungsgemeinschaft, die eine Stammart und alle aus ihr hervorgegangenen Arten/Taxa umfasst.

**parapatrisch:** Populationen oder Arten mit aneinander angrenzendem (ggf. teilweise überlappendem) Verbreitungsgebiet.

**Paraphylum:** künstliche Gruppierung, die lediglich einen Teil der aus einer Stammart hervorgegangenen Arten/Taxa umfasst (z. B. Reptilien, da die Vögel ausgegliedert werden).

**phylogenetisch:** die evolutive, stammesgeschichtliche Verwandtschaft (von Arten und anderen Taxa) betreffend.

**Plesiomorphie:** evolutiv ursprüngliches Merkmal (z. B. Wirbelsäule bei Mammalia); Grundlage für die Klassifizierung von Paraphyla.

## Literatur

- [1] M. S. Fischer et al. (2019). Jenaer Erklärung – Das Konzept der Rasse ist das Ergebnis von Rassismus und nicht dessen Voraussetzung. *BiuZ*, 49, 399–402.
- [2] M. S. Fischer et al. (2020). Jena, Haeckel und die Frage nach den Menschenrassen oder der Rassismus macht Rassen. *ZOOLOGIE, Mittlg Dtsch Zool Ges*, 7–32.
- [3] M. Pigliucci, J. Kaplan (2003). On the concept of biological race and its applicability to humans. *Philos Sci*, 70, 1161–1172.
- [4] Q. Spencer (2018). Racial realism I: Are biological races real? *Philos Compass* 13, e12467.
- [5] Q. Spencer (2018). Racial realism II: Are folk races real? *Philos Compass* 13, e12468.
- [6] E. Mayr (2002). The Biology of Race and the Concept of Equality. *Daedalus* 131, 89–94.
- [7] T. Dobzhansky (1941). The race concept in biology. *Sci Mon* 52, 161–165.
- [8] L. Gannett, (2013). Theodosius Dobzhansky and the genetic race concept. *Stud Hist Philos Biol Biomed Sci* 44(3), 250–261.
- [9] W. Sudhaus, K. Rehfeld (1992). Einführung in die Phylogenetik und Systematik. G. Fischer, Stuttgart.
- [10] J. Mallet (2013). Suppecies, semispecies, superspecies, in: *Encyclopedia of biodiversity*, 2. Auflage (Hrsg.: S. Levin), Academic Press, London, 523–526.
- [11] E. Mayr, Grundlagen der Zoologischen Systematik: Theoretische und Praktische Voraussetzungen für Arbeiten auf Systematischem Gebiet (Übersetzung durch O. Kraus), Paul Parey, Hamburg, Berlin.
- [12] E. Mayr, P. D. Ashlock (2000). *Principles of Systematic Zoology*, 2. Auflage. McGraw-Hill Book Company, New York, 1991.
- [13] O. Kraus (Bearb.), Internationale Regeln für die Zoologische Nomenklatur. Offizieller deutscher Text, 4. Auflage. Goecke und Evers, Keltern.
- [14] F. Zachos (2016). *Species Concepts in Biology. Historical Development, Theoretical Foundations and Practical Relevance*. Springer International Publishing, Cham.
- [15] *Encyclopedia Britannica*.
- [16] B. Phillimore, I. P. F. Owens, Are subspecies useful in evolutionary and conservation biology? (2006). *Proc R Soc B*, 273, 1049–1053.
- [17] Q. D. Wheeler, R. Meier (Hrsg.) (2000). *Species Concepts and Phylogenetic Theory*, Columbia University Press, New York.
- [18] K. de Queiroz (2005). A unified concept of species and its consequences for the future of taxonomy, *Proc Calif Acad Sci*, 56 (18), 196–215.
- [19] J. Cracraft (1983). Species concepts and speciation analysis. *Curr Ornithol*, 1, 159–187.
- [20] M. K. Gonder et al. (2011). Evidence from Cameroon reveals differences in the genetic structure and histories of chimpanzee populations, *PNAS*, 108, 4766–4771
- [21] E. Mayr (1967). *Artbegriff und Evolution*, Verlag Paul Parey, Hamburg und Berlin.
- [22] J. F. Blumenbach (1803). *Handbuch der Naturgeschichte*, 7. Auflage, Heinrich Dieterich, Göttingen.
- [23] J. F. Blumenbach (1790). *Beyträge zur Naturgeschichte, Erster Theil*, Johann Christian Dieterich, Göttingen.
- [24] J. Krause, T. Trappe (2019). *Die Reise unserer Gene*. Propyläen, Berlin.
- [25] J. D. Wall et al. (2013). Higher levels of Neanderthal ancestry in East Asians than in Europeans, *Genetics*. 194(1), 199–209.
- [26] D. Reich (2018). *Who we are and how we got here, Ancient DNA and the new science of the human past*. Oxford University Press, Oxford.
- [27] P. Duhem (1908). *Ziel und Struktur der physikalischen Theorien* (übersetzt von F. Adler), J. A. Barth, Leipzig.
- [28] C. G. Hempel, P. Oppenheim (1948). *Studies in the Logic of Explanation*, *Philos Sci* 15(2), 135–175.
- [29] M. Mahner, M. Bunge (2000). *Philosophische Grundlagen der Biologie*. Springer, Berlin.
- [30] T. Göpel, S. Richter (2016). The word is not enough: on morphemes, characters and ontological concepts, *Cladistics* 32(6), 682–690.
- [31] W. Hennig (1966). *Phylogenetic Systematics*, University of Illinois Press, Urbana.
- [32] M. T. Ghiselin (1987). Species concepts, individuality, and objectivity, *Biol Philos* 2(2), 127–143.
- [33] R. N. Boyd (1999). Kinds, Complexity and Multiple Realization: Comments on Millikan's "Historical Kinds and the Special Sciences", *Philos Stud* 95(1/2), 67–98.
- [34] G. Kluge (1990). Species as historical individuals, *Biol Philos* 5(4), 417–431.
- [35] M. Bunge (1977). *Treatise on Basic Philosophy: Ontology I: The Furniture of the World (Vol. 3)*, Reidel Publishing, Dordrecht, Boston.
- [36] L. W. Chu et al. (2011). Prostate cancer incidence rates in Africa, *Prostate Cancer* 947870.
- [37] H. E. Taitt (2018). Global trends and prostate cancer: a review of incidence, detection, and mortality as influenced by race, ethnicity, and geographic location, *Am J Mens Health* 12(6), 1807–1823.
- [38] S. Donaldson James (2012). Fugates of Kentucky: Skin Bluer than Lake Louise, *abc NEWS online*, 21. Februar 2012. <https://abcnews.go.com/Health/blue-skinned-people-kentucky-reveal-todays-genetic-lesson/story?id=15759819>
- [39] P. Sankar, J. Kahn (2005). *BiDiL: Race Medicine Or Race Marketing?* Using race to gain a commercial advantage does not advance the goal of eliminating racial/ethnic disparities in health care, *Health Aff* 24 (Suppl1), W5–455.

- [40] J. Kahn (2007). Race in a bottle, *Sci Am* 297(2), 40–45.
- [41] S. K. Tate, D. B. Goldstein (2004). Will tomorrow's medicines work for everyone?, *Nat Genet* 36(11), S34–42.
- [42] M. Root (2003). The use of race in medicine as a proxy for genetic differences, *Philos Sci* 70(5), 1173–1183.
- [43] S. Maurer (2020). Das Rasseproblem der Medizin: Warum Herkunft eine Rolle spielen sollte – es aber nicht tut, *TAGBLATT*, 16. Juli 2020. <https://www.tagblatt.ch/leben/rasse-in-der-medizin-sollen-aerzte-ihre-patienten-je-nach-herkunft-anders-behandeln-ld.1238684>
- [44] D. Bainbridge (2020). Opinion: Zoology's Racism Problem, *The Scientist*, 1. September 2020. <https://www.the-scientist.com/reading-frames/opinion-zoologys-racism-problem-67865>



Torben Göpel ist Postdoc in der Arbeitsgruppe *Developmental Integrative Biology* an der *University of North Texas*. Kern seiner Forschung sind *Funktion und Evolution des Kreislaufsystems bei Arthropoden*. Neben der *Morphologie* untersucht er dabei den Einfluss verschiedener *Umweltfaktoren* auf die *Kreislaufphysiologie*. Ferner befasst er sich mit *Ontologie und Wissenschaftstheorie in Morphologie und Systematik*.

**Korrespondenz:**

Prof. Dr. Stefan Richter  
Allgemeine & Spezielle Zoologie  
Institut für Biowissenschaften  
Universität Rostock  
Universitätsplatz 2  
18055 Rostock  
E-Mail: [stefan.richter@uni-rostock.de](mailto:stefan.richter@uni-rostock.de)

**Die Autoren**



Stefan Richter ist Professor für *Allgemeine und Spezielle Zoologie* an der *Universität Rostock*. *Schwerpunkte sind Morphologie und Systematik der Krebstiere* sowie die *Geschichte und Theorie der phylogenetischen Systematik*. Sein Interesse an der *Phylogeographie australischer Krebstiere* führt ihn immer wieder nach *Australien*. Zusammen mit *Kollegen* hat er eine *Reihe neuer Arten* verschiedener *Krebstiergruppen* beschrieben.

**SEMINAR: CORONAVIREN – IMPFSTOFFE UND THERAPEUTIKA**



Wechsel zwei Online-Seminare an. Im Basis-Seminar „Viren und Impfstoffe“ widmet sich Jann Buttler (M. Sc. Biologie) den grundlegenden Fragen zu „Was ist Leben?“, DNA und RNA, (Corona)-Viren und Impfstoffen. Das

Für alle, die Fragen zum Thema Impfen haben und sich mehr Hintergrundwissen wünschen, bietet Science Bridge e. V. im wöchentlichen

Seminar von Prof. Wolfgang Nellen „Covid-19-Impfstoffe und Therapeutika“ bietet ausführlichere Einblicke in die gängigen Covid-19-Impfstoffe, in die Entwicklung von Therapeutika und geht einigen Verschwörungsgeschichten auf den Grund. Die Seminare beginnen jeweils um 19:00 Uhr. Die Online-Veranstaltungen finden in kleinen Gruppen statt, damit viel Raum und Zeit für Fragen und Diskussion bleibt. Aktuelle Termine und Anmeldung unter <https://sciencebridge.net/aktuelles/coronaviren-impfstoffe-und-therapeutika/>.

**TIERVERSUCHE VERSTEHEN**



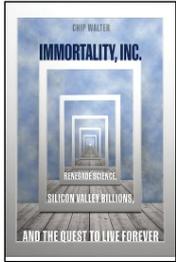
Wie können Lehrende ein kontrovers diskutiertes Thema wie Tierversuche im Unterricht behandeln? Die Initiative *Tierversuche verstehen* bietet dafür Anregungen. In Zusammenarbeit mit dem *Leibniz-Institut für die Pädagogik der Naturwissenschaften und Mathematik (IPN)* in *Kiel* wurde eine *90-minütige Unterrichtseinheit* zum Thema *Tierversuche* entwickelt. Das *Material* eignet sich für *Schülerinnen und Schüler* der *9. und 10. Jahrgangsstufe*.

Mit der *Unterrichtseinheit* steht ein *geplanter Unterrichtsverlauf* zur *Verfügung*, der durch die *Materialien und Aufgaben* führt. Dabei erarbeiten sich die *Schülerinnen und Schüler* zunächst ein *Grundwissen* über *Tierversuche*. Texte leiten sie durch Fragen wie „*Zu welchem Zweck werden Tierversuche durchgeführt?*“, „*Was ist das 3R-Prinzip?*“ oder „*Wie gut sind Ergebnisse aus Tierversuchen auf den Menschen übertragbar?*“.

Neben dem *Grundwissen* zu *Tierversuchen* und der *Diskussion* über *zentrale Fragen* der *ethischen Debatte* sollen die *Jugendlichen* vor allem ihre *Bewertungskompetenz* stärken. Das *Unterrichtsmaterial* sowie einen vom *IPN* entwickelten *Kriterienkatalog* für *Lehrende* zur *Qualitätssicherung* von *Materialien* zum Thema *Tierversuche* können Sie *kostenlos herunterladen* unter <https://www.tierversuche-verstehen.de/schueler-und-lehrer/unterrichtsleitfaden>

## ALTERSFORSCHUNG

## Das Geschäft mit der Unsterblichkeit



Der Wunsch, ewig zu leben, ist vermutlich so alt wie die Menschheit selbst. Doch mit den Fortschritten der biomedizinischen Forschung der letzten Jahrzehnte scheint dieser Traum – oder wenigstens die Möglichkeit, länger gesünder zu leben – in greifbare Nähe gerückt zu sein. Die Erforschung der molekularen Grundlagen des Alterns ist so zu einem sich rasch entwickelnden Bereich der modernen Lebenswissenschaften geworden. Das haben auch Entrepreneure und Investoren erkannt und folglich wird zunehmend in diesen Bereich investiert.

Diesem Thema widmet sich das Buch „Immortality, Inc.: Renegade Science, Silicon Valley Billions, and the Quest to Live Forever“ des US-amerikanischen Journalisten Chip Walter. Walter gibt einen schnellen Überblick über die Geschichte der jüngsten Versuche von Unternehmen, sich aktuelle Forschungserkenntnisse zunutze zu machen, um unser Leben und unsere Gesundheitsspanne zu verlängern. Dieser Überblick reicht von Firmen wie Alcon, die unlängst Verstorbene in flüssigem Stickstoff lagern, bis sie (vielleicht) wieder zum Leben erweckt werden können, bis hin zu dem von Alphabet/Google finanzierten Biotech-Unternehmen Calico, oder der von Craig Venter und Peter Diamandis gegründeten Human Longevity Inc., die versuchen, die molekularen Grundlagen des Alterns zu verstehen, um so mit dem Altern verbundene Krankheiten und das Altern selbst zu verhindern. Bei seinem Galopp durch die moderne „Anti-Ageing“-Industrie stellt Walter die wichtigsten Personen und Fir-

men vor und erläutert kurz, weshalb und wie sich diese mit dem Thema befassen. Er fokussiert sich hierbei auf die USA.

Das Buch ist durchweg sehr kurzweilig und leicht lesbar gehalten, so dass auch jene Leser, die sich noch nicht mit dem Thema befassen haben, leicht folgen können. Leider ist der Text jedoch, was die Wissenschaft anbelangt, sehr oberflächlich (und teilweise fehlerhaft) geschrieben. Schade ist auch, dass keinerlei Abbildungen im Buch enthalten sind. Fazit: Ein unterhaltsamer, aber kursorischer Einstieg in das Anti-Ageing-Business für alle, die sich zum ersten Mal mit diesem Thema beschäftigen und nicht tiefer in die Wissenschaft einsteigen wollen, die den besprochenen Firmen zugrunde liegt.

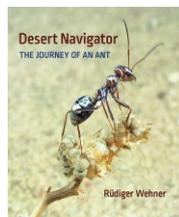
*Ralf Dabm, Mainz*

### Immortality, Inc.

Renegade Science, Silicon Valley Billions, and the Quest to Live Forever. Chip Walter, National Geographic, Washington D. C., USA, 2020, 320 S., 18,66 €. ISBN 978-1-426-21980-1.

## NEUROETHOLOGIE

## Auf der Spur der Wüstenameisen



Das Märchen von Hänsel und Gretel übt seit jeher eine Faszination auf uns Menschen aus. Die Frage, ob die beiden Kinder am Ende wieder nach Hause zurückfinden, beschäftigte schon Generationen. Glücklicherweise verfügen wir Menschen über viele Hilfsmittel, um zu unserem Wohnort zurückzukehren. So nutzen wir beispielweise Schilder, Stadtpläne und Karten, einen Kompass oder in der heutigen Zeit ein Navi mit GPS. Wie aber finden

Tiere, z. B. Wüstenameisen, nach Hause?

In „Desert Navigator – The Journey of an Ant“ präsentiert Prof. Dr. Rüdiger Wehner seine umfassenden Erkenntnisse über Wüstenameisen und ihre herausragenden Navigationsfähigkeiten. Anders als für viele andere Ameisenarten lohnt es sich für diese filigranen, sechsbeinigen Wüstenbewohner nicht, Spuren zu legen. Wind und Hitze würden diese sofort verwischen und unbrauchbar machen, ähnlich wie die Brotkrumenspur von Hänsel und Gretel, die nur von kurzer Dauer war. Stattdessen beruht das Heimfindervermögen der Wüstenameisen auf einer Vielzahl von Informationen aus der Umwelt. So verknüpfen sie Informationen über Sonnenstand, Polarisationsmuster am Himmel (unsichtbar für uns Menschen), Landmarken, Erdmagnetfeld, und Windrichtung geschickt miteinander. Um nach ihren weitläufigen Futtersuchekursionen (der längste aufgezeichnete Lauf war über einen Kilometer lang), schnellstmöglich zum Nest zurückzufinden, berechnen die Ameisen einen sogenannten Heimvektor. Dabei kombinieren sie Richtungs- und Entfernungsinformationen, so dass sie jederzeit wissen, wo sie sich relativ zu ihrem Nest befinden. Schon Anfang des 20. Jahrhunderts wurde entdeckt, dass die Wüstenameisen vor allem ihren Himmelskompass nutzen, um die Richtungen zu bestimmen. Es dauerte jedoch beinahe ein Jahrhundert, bis Biologen auch das Geheimnis der Distanzmessung lösteten. Tatsächlich integrieren die Wüstenameisen ihre Schritte mit einem inneren „Schrittzähler“. Für diese Erkenntnis wurden den Ameisen kleine Stelzen angeklebt oder die Beine gekürzt. Rüdiger Wehner beschreibt dieses und unzählige andere Experimente im Detail und lässt die Leser damit an der Wüstenameisenforschung der letzten 50 Jahre teilhaben. Man folgt den Ameisen und den Ameisenforschenden auf Schritt und Tritt und kann dank anschaulicher Erklärungen Konzeption und Durch-

führung der Experimente sowie die Interpretation der Ergebnisse nachverfolgen. Untermalt wird der Text mit beeindruckenden Abbildungen – seien es die grandiosen Fotografien der Wüsten und ihrer Bewohner, hochauflösende Mikroskopiebilder oder die für das Buch aufbereiteten Datendarstellungen. Wer mit der Forschungsliteratur vertraut ist, wird staunen, wie hier alle relevanten Ergebnisse wie aus einem Guss neu präsentiert werden. Und wer sein Wissen über die Wüstenameisen vertiefen möchte, wird im umfangreichen Anhang („Notes“) fündig. Das etwas mühselige Hin- und Herbblättern lohnt sich, denn dort gibt der Autor unzählige Anknüpfungspunkte, versteckt weiterführende Forschungsfragen und verknüpft die Wüstenameisenforschung mit anderen Forschungsgebieten oder stellt Bezüge zu historischen Gegebenheiten her. Wer hätte schon gewusst, dass Wüstenameisen und Luftfahrtpioniere auf dieselben Methoden zurückgreifen, um schließlich erfolgreich ihr Ziel zu erreichen? Um dies zu verstehen, nehmen wir beispielsweise ganz nebenbei an der achttägigen Weltumrundung von Wiley Post und Harold Gatty teil.

Insbesondere in der jetzigen Zeit, wo Reisen an ferne Orte unmöglich sind, ist das Buch eine tröstliche Lektüre, um das Fernweh zu lindern. Jederzeit ist es ein literarischer Genuss. Wen Tiere wie die Wüstenameisen und ihre Navigationskünste faszinieren, muss dieses Buch lesen. Und wer das Buch liest, wird Wüstenameisen lieben. Wehners „Desert Navigator“ ist umfangreiches Review und Nachschlagewerk und bietet gleichzeitig pures Lesevergnügen – kurzum, es ist ein myrmekologisches Meisterwerk!

*Pauline Fleischmann, Würzburg*

### Desert Navigator

The Journey of an Ant. Rüdiger Wehner, The Belknap Press, Cambridge, MA, USA, 2020, 392 S., 52,88 €. ISBN 978-0-674-04588-0.



## BIOLOGIEDIDAKTIK

### Mit Biotracks zur Biodiversität



Die Frage, wie der globale Biodiversitätsverlust begrenzt und die Sensibilität für Umweltprobleme erhöht werden kann, ist aktueller denn je. Schu-

lische Bildung, insbesondere der Biologieunterricht, spielt dabei eine Schlüsselrolle. Doch wie genau kann Biologieunterricht dieser Herkulesaufgabe gerecht werden? Dr. Luise Knoblich, wissenschaftliche Mitarbeiterin an der Universität Jena (bis 10/2020) und Gymnasiallehrerin, findet darauf eine innovative Antwort: „Biotracks“, d. h. biologisch basierte GPS-Touren, können die Bereiche *Biodiversität*, *Bildung* und *Biologieunterricht* konstruktiv miteinander verbinden. In ihrem neuen Buch beschreibt die Autorin ihr selbst entwickeltes, als Patentanmeldung veröffentlichtes und preisgekröntes Biotrackverfahren sehr anschaulich und gut nachvollziehbar. In den ersten fünf Kapiteln erörtert sie ihre zuvor entwickelten Hypothesen und stellt die Notwendigkeit und Angemessenheit dieses Verfahrens plausibel dar. Im sechsten Kapitel wird die Umsetzung des Verfahrens in einer siebten und einer neunten Gymnasialklasse sowie die empirische Begleituntersuchung detailliert vorgestellt. Durch ein solides Kontrollgruppendesign mit mehrdimensionalen Prä-Post-Tests kommt Knoblich zu robusten Ergebnissen und letztendlich zum Schluss, dass Biotracks das Umweltwissen von Schüler\*innen signifikant verbessern können. Hinsichtlich der positiven Beeinflussung von Umwelteinstellungen und dem Umwelthandeln durch Biotracks offenbaren die Ergebnisse jedoch eine überraschende Diskrepanz: Lediglich die Siebtklässler\*innen

wurden in ihren Umwelteinstellungen und ihrem Umwelthandeln durch die Biotracks positiv beeinflusst.

Das Buch zeichnet sich in erster Linie durch gründliche Recherchen, stringente Argumentation und methodische Klarheit aus. Es liefert wertvolle Argumente für interdisziplinären, bewegten und technisch unterstützten Biologieunterricht außerhalb des Klassenzimmers. Die Autorin zeigt, dass sich Freilandunterricht und moderne Medien nicht ausschließen, sondern effektiv ergänzen können. Allerdings hätten die Herausforderungen und Grenzen der Verwendung von Smartphones im Schulunterricht etwas kritischer reflektiert und die Gefahr einer sprichwörtlich distanzierten und verzerrten Naturwahrnehmung durch digital vermittelte Naturerfahrungen ausführlicher diskutiert werden können. Insgesamt ist das Buch aber sehr empfehlenswert, sowohl für Fachwissenschaftler\*innen verschiedener Bereiche, als auch für engagierte Lehrer\*innen, die ihren Unterricht sinnvoll und bewegend bereichern wollen.

*Jakob von Au, Heidelberg*

### Mit Biotracks zur Biodiversität

Die Natur als Lernort durch Exkursionen erfahren. Luise Knoblich, Springer Spektrum Verlag, Wiesbaden, 2020, 420 S., 74,99 €. ISBN 978-3-658-31209-1.

## NATURFÜHRER

### Pflanzen im Jahresverlauf

Wenn man die Entwicklung der Pflanzen im Jahresablauf im Garten oder in der Natur verfolgt, kann man artspezifische Muster feststellen. Einige Arten treiben und blühen schon sehr zeitig im Frühjahr, andere lassen sich mehr Zeit

und entfalten erst im Sommer ihre Blütenpracht. Die „Phänologie“ beschäftigt sich mit den im Jahresablauf periodisch wiederkehrenden Entwicklungsstadien in der Natur. Je nach Region und Wetter können sich phänologische Phänomene von Jahr zu Jahr unterscheiden. Dennoch zeichnen sich die meisten Pflanzen (und Tiere) durch eine arttypische Phänologie aus.

Dieses mit Fotos und Aquarellen hervorragend ausgestattete Sachbuch beschreibt auf den ersten 65 Seiten phänologische Phänomene in Abhängigkeit von Klima und Region und regt an, wie man ein phänologisches Tagebuch führen könnte. Die folgenden 200 Seiten sind der Beschreibung von 60 in Mitteleuropa heimischen Bäumen und Sträuchern gewidmet. Für jede Pflanzenart findet man gute Illustrationen der diversen Entwicklungsstadien: Von der Knospe zum Blatt und Blüte und weiter zu den Früchten und diversen Blattstadien. Interessant ist ein phänologischer Kalender, der die Blatt- und Blütenbildung und Fruchtreife nach Monaten erläutert. Da das Buch ursprünglich in Frankreich erschien, sollte sich der Leser nicht wundern, warum alle Phänomene schon so zeitig stattfinden. Diese Zeitangaben gelten am ehesten für das klimatisch günstige SW-Deutschland. Für Nord- und Ostdeutschland darf man ruhig 2 bis 4 Wochen dazu rechnen. Dieser Naturführer ist kompetent geschrieben und sehr ansprechend illustriert und regt jeden Naturbeobachter an, sich mit der Phänologie der Pflanzen intensiver zu befassen.

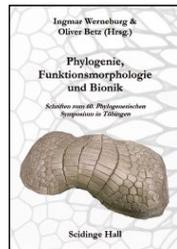
*Michael Wink, Heidelberg*

### **Pflanzen im Rhythmus der Jahreszeiten beobachten.**

Der phänologische Naturführer. Vincent Badeau et al., Haupt-Verlag, Bern, 2020, 272 S., 29,90 €, ISBN 978-3-258-08170-0.

## **BIONIK**

### **Gegen den Strich gebürstet**



Beim Blick in die populärwissenschaftlichen Beilagen der Zeitungen konnte die interessierte Öffentlichkeit in den letzten Jahren den Eindruck gewinnen, die Bionik (oder Biomimetik) erlaube es, komplexe technische Probleme jedweder Art durch einen Blick in die Wundertüte der Evolution schnell, kostengünstig und nachhaltig zu lösen. Schaut man die einschlägigen wissenschaftlichen Zeitschriften durch, in denen dagegen die Mühseligkeiten wirklicher Forschung ausgebreitet werden, verfliegt diese Euphorie jedoch rasch und man fragt sich eher, was genau denn nun ein biomimetisches Vorgehen ausmacht und was daran so neu sein soll. Das 60. Phylogenetische Symposium, das im November 2018 in Tübingen zum Thema „Funktionsmorphologie und Bionik“ stattfand, war großteils dem Versuch gewidmet, den Begriff Bionik etwas genauer zu fassen und seine Bezüge zur Funktionsmorphologie (also zu der Vorstellung, dass die äußere Gestalt von Tieren und Pflanzen mit ihrer Lebensweise zu tun hat) zu klären. Da an der Universität Tübingen mehrere Arbeitsgruppen aus der Paläontologie und der Biologie biomimetische Projekte verfolgen, passten Thema und Ort gut zusammen. Im Frühjahr 2020 ist nun der Begleitband zum Symposium mit den schriftlichen Versionen der meisten Vorträge erschienen. Der Band ist in zwei Teile gegliedert: Im „Theoretischen Teil“ werden einerseits Bezüge zwischen der Bionik und den verwandten naturwissenschaftlichen Disziplinen (wie etwa der Funktionsmorphologie) nachgezeichnet; andererseits wird

versucht zu klären, inwieweit die an Grundlagen orientierte naturwissenschaftliche Denk- und Vorgehensweise mit den pragmatischen Erfordernissen der Ingenieurswelt, in der die technische Umsetzung letztlich stattfindet, kompatibel ist. Dies ist ebenso spannend wie erhellend zu lesen und man versteht schließlich (oder ahnt es zumindest), wie es zu der eingangs erwähnten widersprüchlichen Wahrnehmung kommt. Im „Speziellen Teil“ werden Forschungsprojekte zu spezifischen Tier- und Pflanzengruppen mit bionischem Potenzial vorgestellt. Dieser Teil hat, angesichts der vertretenen Themen, tatsächlich Züge einer Wundertüte – so geht es z. B. um die Adaptation von Seeigeln an ihr Habitat, um die Färbung von Wirbeltieren sowie deren Häuse, um Panzer, Atemapparat und Greifarmeffizienz von Schildkröten. Sehr hübsch ist auch ein Beitrag zur Entwicklung stabilisierender und wasserleitender Strukturen in fossilen Pflanzen, der den bionischen Bezug auf die Evolutionstheorie gewissermaßen beim Wort nimmt. Wer über ein biologisches Basiswissen verfügt, wird die Beiträge mit Gewinn lesen können (und sich nicht länger fragen müssen, was Fahrradkettenkonstrukteure von Schildkrötenpanzern lernen sollten). Und wer mehr über die Bionik, ihre Verankerung in der Biologie, und ihr Transferpotenzial in die Ingenieurwissenschaften hinein wissen will, wird in dem Band sehr viel mehr erfahren können als aus den Hochglanzprospekten diverser Ministerien, die sich gerne mit griffigen bionischen Erfolgen schmücken.

*Wilfried Konrad, Tübingen*

### **Phylogenie, Funktionsmorphologie und Bionik.**

Schriften zum 60. Phylogenetischen Symposium in Tübingen. Ingmar Werneburg und Oliver Betz (Hrsg.), Scidinge Hall, Tübingen, 2020, 20,00 €, ISBN 978-3-947-02010-2.

Mikroben sind faszinierend, wecken aber bei vielen Menschen Berührungssängste – vielleicht auch, weil wir noch immer zu wenig über sie wissen. Einen Versuch, dies zu ändern unternimmt unserer Kurator Harald Engelhardt mit der neuen Serie „Mikroben verstehen“.

## MIKROBEN VERSTEHEN

### Mikrobielle Kompartimente

**Nach gängiger Auffassung zeichnen sich eukaryotische Zellen gegenüber Bakterien und Archaeen unter anderem dadurch aus, dass sie einen Zellkern und Organellen besitzen, Mikroben (Prokaryoten) hingegen nicht. Auch sollten die kleineren Mikroben kaum kompartimentiert seien. Inzwischen hat man aber erkannt, dass auch sie effizient strukturiert sind. Ein erweiterter Kompartimentierungs- und Organellenbegriff macht dabei die funktionelle Untergliederung von Mikrobenzellen deutlich.**

Für Kompartimente und Organellen gibt es keine strenge Definition. Die klassische Auffassung bezieht sich auf membranumgebene Strukturen und setzt oft Organellen mit Kompartimenten gleich. Dazu zählen Zellkern, Mitochondrien, Plastiden, ER, Golgi- und andere Vesikel – Gebilde, die man mit Mikroben nicht in Verbindung bringt. Das Fehlen einer Kernhülle ist Merkmal für Prokaryoten, und Mitochondrien und Plastiden haben ihren Ursprung selbst in vormals endocytosymbiotischen Bakterien. Die Modellorganismen *Escherichia coli* und *Bacillus subtilis* enthalten auch keine prominenten Membransysteme und trugen deshalb zum Bild der Bakterien als einfach organisierte Lebewesen bei.

Allerdings sind auch Mikroben mit ihren hunderten und mehr Stoffwechselfvorgängen auf eine Abgrenzung von Reaktionsabläufen angewiesen, um störende Wechselwirkungen auszuschließen. Die Einsicht, dass dies nicht nur ein intracytoplasmatisches Membransystem leistet, führt zu einem erweiterten Kompartimentierungs- und Organellenbegriff (siehe Kasten), der Strukturen ohne Membran („Mikrokompartimente“) und komplexe Molekülaggregate („molekulare Maschinen“) einbezieht. Hier werden Prinzipien der mikrobiellen Kompartimentierung betrachtet. (Ein Folgebeitrag geht auf mikrobielle Organellen ein.)

#### Kompartimente mit Lipidmembranen

Zu Kompartimenten, die durch Membranen begrenzt sind, gehören das

Cytoplasma selbst und seine Differenzierungen bei hyphen- und stielbildenden Bakterien. Der Stiel sessiler Zellen von *Caulobacter* ist innerer Teil der Zelle, aber durch Septen vom übrigen Cytoplasma getrennt. Das Periplasma bezeichnet den Raum zwischen innerer und äußerer Membran Gram-negativer Bakterien. Er kann bei Zellketten von Cyanobakterien über die gesamte Länge vereint und bei epilimnischen Organismen mit tubulären Fortsätzen erweitert sein (Abbildung 1). Phototrophe Bakterien bilden verschiedene intrazelluläre Membransysteme, Stickstoffoxidierer (Nitrobakterien) und methanotrophe Bakterien Membranstapel.

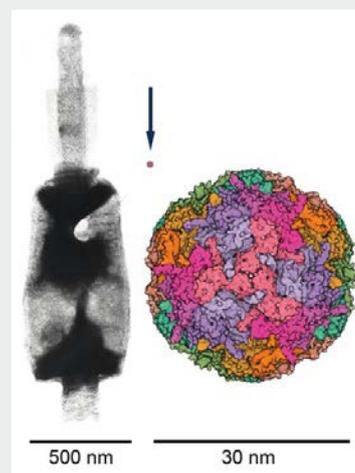
Einige Arten besitzen große Vakuolen zur Nitratspeicherung (*Thiomargarita*, *Beggiatoa*, *Thioploca*) [1], und eine Reihe Archaeen und Bakterien bilden extrazelluläre Membranvesikel mit organischen Inhaltsstoffen und Enzymen [2]. Die artenreichen Planctomyceten standen lange im Verdacht, durch ein inneres Membransystem hochkompartimentiert zu sein und in der Gattung *Gemmata* die DNA mit einer Doppelmembran zu umhüllen. Die strukturelle Analogie zu Eukaryotenzellen ließ sich aber nicht bestätigen [3]. Gleichwohl zeigt die ungewöhnlich stark und variabel invaginierte Zellmembran eine Entwicklung, deren Bedeutung man noch sucht.

Kompartimente können auch durch andere Grenzschichten eingefasst werden. So entsteht bei Grampositiven Bakterien ohne äußere Membran ein periplasmatischer Raum durch das (vielschichtige) Peptidoglycan als Begrenzung [4], oft kombiniert mit einer äußeren Proteinschicht (Surface- oder S-Layer). Auch der S-Layer von Archaeen (meist die einzige Zellwandkomponente) definiert einen quasi-periplasmatischen Raum, wenn auch mit weniger dort veran-

#### KOMPARTIMENTE UND ORGANELLEN

Nach der hier verwendeten Definition bezeichnet ein Kompartiment ein räumlich (dynamisch) abgegrenztes subzelluläres Volumen. Ein Organell ist eine definierte, komplexe subzelluläre Struktur mit spezifischen Funktionen.

Beide Begriffe können sich auf die gleiche Zellstruktur beziehen, sind aber nicht synonym.



**ABB. 1 Größen mikrobieller Kompartimente. Eine Zelle mit tubulärer Erweiterung des periplasmatischen Raums (links). Die an den Zellpolen entspringenden Fortsätze sind dicht mit Porinen besetzt, werden bis zu 100 µm lang und weisen ein Volumen auf, welches die Größe des Kompartiments eines Encapsulins (rechts, PDB 3DKT) um das  $\approx 10^5$ -fache übertrifft. Encapsulin in Relation zur Zelle (Pfeil).**

kerten Enzymen. Das Periplasma kann bis zu 25 Prozent des Zellvolumens betragen, bei Planctomyceten mit stark invaginiertem Zellmembran sogar mehr [3].

Auch Membranen lassen sich als eigene Kompartimente auffassen. Bis zu einem Drittel des mikrobiellen Proteoms stellen Proteine, die nur in Lipidmembranen vorkommen. Ausgeprägte und dicht mit Proteinkomplexen bestückte intrazelluläre Systeme bilden, wie erwähnt, die Stickstoff- und Methanoxidierer und phototrophe Bakterien mit ihren thylakoidartigen, tubulären oder vesikulären Membranen [1]. Die Proteine der Zellmembran können in begrenzte Areale sortiert werden. Diese 2D-Kompartimente werden wie in Eukaryotenzellen durch *lipid rafts* hervorgerufen [5].

Magnetotaktische Bakterien bilden ebenfalls Lipidvesikel, die Membranproteine enthalten und in denen Magnetitkristalle entstehen. Diese stellen als Magnetosomen Bestandteile des Organells zur Orientierung am Erdmagnetfeld dar [6]. Weit verbreitet sind Acidocalcisomen, die  $\text{Ca}^{2+}$  und Phosphat enthalten und in Eukaryoten zur Aufrechterhaltung eines osmotischen Gleichgewichts beitragen [7]. Ihre Rolle in Mikroben ist weniger klar, sie sind jedenfalls nicht mit den bekannten Polyphosphat-Speicherpartikeln identisch.

### Kompartimente mit Proteinhüllen

Da Kompartimente nicht immer von Lipidmembranen umhüllt sein müssen, erweitert sich das Repertoire mikrobieller Reaktions- und Speicherräume deutlich. Intracytoplasmatische, durch Proteine begrenzte Kompartimente sind die Carboxysomen  $\text{CO}_2$ -fixierender Bakterien und die Gruppe der ebenfalls polyedrischen Metabolosomen. Während die Carboxysomen mit den Enzymen Carboanhydrase und Rubisco gefüllt sind, um die Effizienz der  $\text{CO}_2$ -Bindung im Synthesestoffwechsel zu

steigern, enthalten die verschiedenen Metabolosomen Enzyme zum Abbau von Alkoholen oder Zuckern. Hier verhindern die Kompartimente vermutlich die Diffusion schädlicher Zwischenprodukte ins Cytoplasma und bringen die Enzyme einer Reaktionskette zusammen. Die Hüllproteine sind miteinander verwandt und Genomanalysen zeigen, dass viele Prokaryoten diese Kompartimente besitzen [8]. Dies gilt auch für die Speichergranula für Schwefel und Polyhydroxybutyrat (PHB). Die Partikel sind von Proteinen umkleidet, trennen sie so vom Cytoplasma und stellen im Falle von PHB notwendige Enzyme.

Die Gasvesikel der Haloarchaeen und Cyanobakterien haben eine zylindrische Form mit konischen Enden. Die Proteinhülle ist für Wasser undurchlässig, mit dem Gas der Umgebung gefüllt und dient den Zellen als Auftriebsorganell [9]. Encapsuline – iscosaedrische Proteinkapseln „Nanokompartimente“, Abbildung 1) – sind in Archaeen und Bakterien verbreitet, schließen vor allem Eisen- und andere Metallionen ein und enthalten zum Teil Enzyme [10]. Zu ihren Funktionen gehört unter anderem die Kontrolle des oxidativen Stresses. Ein ähnliches Kompartiment, das bakterielle Ferritin, dient als  $\text{Fe}^{2+}$ -Speicher.

Bekanntere Beispiele für kleinste Kompartimente bieten die Reaktionskammern der selbstkompartimentierenden Proteasen (Proteasom und andere) und der Chaperonine (Thermosom, GroEL/ES). Die Proteasen schützen auf diese Weise Proteine des Cytoplasmas vor unkontrolliertem Abbau, und die Chaperonine schaffen in ihrem Inneren ein geeignetes Milieu für die Korrektur fehlgefalteter Proteine. Nicht alle komplexen Makromolekülaggregate lassen sich isoliert untersuchen. So ist es möglich, dass weitere (labile) permanente und transiente Kompartimente in Zellen existieren. Hier werden erst umfangreiche Studien, etwa mittels Kryoelektronentomographie, Aufschluss geben können.

### Universelle Prinzipien

Kompartimentierung und die Bildung von Organellen stellen sich als universelle biologische Prinzipien heraus, die schon in der frühen Phase mikrobieller Evolution und Diversifizierung gewirkt haben dürften und nicht erst mit der Entstehung eukaryotischer Zellen Bedeutung erlangten. Je nach Zellgröße und Umfang von Genom und Proteom fallen Art und Komplexität der Kompartimentierung unterschiedlich aus, doch manche Lösungen bewährten sich für Pro- und Eukaryoten. Die hier dargestellten Beispiele sind nicht erschöpfend, und Effekte der Phasentrennung, Segregation und dynamischer Asymmetrien rücken erst seit kurzem in den Focus.

### Literatur

- [1] R. A. Niederman (2006). Structure, function and formation of bacterial intracytoplasmic membranes. In: J.M. Shively (Ed.) Complex Intracellular Structures in Prokaryotes. Springer-Verlag, Berlin, 193–227.
- [2] H. Schrempf et al. (2011). Extracellular *Streptomyces* vesicles: Amphorae for survival and defense. *Microb Biotechnol* 4, 286–299.
- [3] C. Boedecker et al. (2017). Determining the bacterial cell biology of Planctomycetes. *Nat Commun* 8, 14853.
- [4] V. R. F. Matias, T. J. Beveridge (2005). Cryo-electron microscopy reveals native polymeric cell wall structure in *Bacillus subtilis* 168 and the existence of a periplasmic space. *Mol Microbiol* 56, 240–251.
- [5] M. Bramkamp, D. Lopez (2015). Exploring the existence of lipid rafts in bacteria. *Microbiol. Mol Biol Rev* 79, 81–100.
- [6] M. Schüler, D. Schüler (2021). Ein Mikroorganismus mit Magnetsinn. *BiuZ* 1/2021, 51, 74–81.
- [7] R. Docampo (2016). The origin and evolution of the acidocalcisome and its interactions with other organelles. *Mol. Biochem Parasitol* 209, 3–9.
- [8] C. A. Kerfeld et al. (2018). Bacterial microcompartments. *Nat Rev Microbiol* 16, 277–289.
- [9] F. Pfeifer (2012). Distribution, formation and regulation of gas vesicles. *Nat Rev Microbiol* 10, 705–715.
- [10] J. A. Jones, T. W. Giessen (2021). Advances in encapsulin nanocompartment biology and engineering. *Biotechnol Bioengin* 118, 491–505.

Harald Engelhardt, Martinsried

## AUSSERSCHULISCHE LERNORTE

## Gläsernes Labor – von „Genome Editing“ bis Neurobiologie

*Tausende Schülerinnen und Schüler experimentieren pro Jahr im Schülerlabor auf dem Campus Berlin-Buch zu Themen wie Genetik, Zell- und Neurobiologie.*

Der außerschulische Lernort auf dem Wissenschafts- und Biotech-Campus Berlin-Buch gehört zu den erfolgreichsten Schülerlaboren in Deutschland. 1999 eröffnet, bietet das Gläserne Labor inzwischen rund 14.000 Jugendlichen pro Jahr die Möglichkeit, zu den Themen Molekularbiologie, Herz-Kreislauf, Neurobiologie, Chemie, Radioaktivität sowie Ökologie zu experimentieren. Die Mitmachexperimente sind eng auf die aktuelle biomedizinische Forschung der Einrichtungen des Campus bezogen. Das Max-Delbrück-Centrum für Molekulare Medizin in der Helmholtz-Gemeinschaft (MDC) und das Leibniz-Forschungsinstitut für Molekulare Pharmakologie sowie weitere Partner fördern die Bildungsarbeit des Gläsernen Labors aktiv. Durch die enge Kooperation kann Wissen vermittelt werden, das noch nicht im Lehrbuch steht.

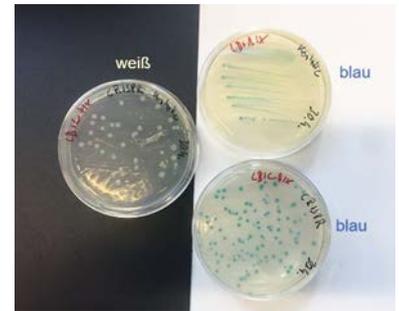
### Einblicke in Forschung und Laborarbeit

Angeleitet von erfahrenen Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern lernen hier Schülerinnen und Schüler in fünf authentischen Laboren, selbstständig zu experimentieren. Dieses Hands-on-Prinzip und der unmittelbare Kontakt zu Experten machen neugierig auf Wissenschaft. Nicht wenige junge Menschen haben hier eine Inspiration für ihren beruflichen Weg in die Naturwissenschaften erhalten (Abbildung 1).

Von der Grundstufe bis zum Abitur bietet das Gläserne Labor differenzierte Angebote der Wissensvermittlung. In der Genetik reichen diese etwa von grundlegenden Techniken wie der DNA-Isolation aus Früchten über den eigenen genetischen Fingerabdruck bis hin zur Anwendung der Genschere CRISPR/Cas9 an Bakterien.



**ABB. 1** Jedes Jahr werden in Buch neue Laborkurse zu spannenden wissenschaftlichen Themen entwickelt. Foto: Peter Himsel/Campus Berlin-Buch GmbH.



**ABB. 2** Ergebnisse des CRISPR/Cas9-Kurses lassen sich per Live-Cam auf der Website verfolgen: Funktioniert die Genschere, werden die Bakterien weiß. Foto: Gläsernes Labor.

Diese Methode weckt große Hoffnungen für die Gentechnik der Zukunft und steht im Fokus des jüngsten Kurses für die Oberstufe. Mit Hilfe von CRISPR/Cas9 lässt sich DNA gezielt schneiden und verändern. So können Gene ins Genom eingefügt, entfernt oder ausgeschaltet werden. Dabei baut das sogenannte „Genome Editing“ auf klassischen Gentechnikmethoden mit Restriktionsenzymen und Plasmiden auf. Um Schülerinnen und Schülern der Sekundarstufe zu vermitteln, wie CRISPR/Cas9 funktioniert, wird eine Kombination beider Methoden im Gläsernen Labor an Bakterien durchgeführt. Die Jugendlichen isolieren Plasmid-DNA, erproben Methoden wie Restriktionsverdau, Ligation, Gelelektrophorese, Transformation, Selektion der gentechnisch veränderten Bakterien auf Agarplatten und Kolonie-PCR (Abbildung 2). Diese Versuche wurden von Science Bridge Kassel entwickelt – einem der zahlreichen Kooperationspartner des Gläsernen Labors.

### Neurone und Gliazellen

Die Entstehung von Alzheimer wird am Max-Delbrück-Centrum intensiv erforscht. Um die Erkrankung in ihrer Komplexität zu erklären, wurde ein Halbtagskurs entwickelt, der die neurodegenerativen Prozesse veranschaulicht. So können die Schülerinnen und Schüler Gehirnpräparate von Gesunden und Erkrankten unter dem Mikroskop vergleichen sowie



**ABB. 3 Kursteilnehmer\*innen beim Testen ihrer Lesefähigkeit mit Hilfe der Elektrookulografie.** Foto: Gläsernes Labor.

einen Test aus der Gedächtnis-sprechstunde durchführen. Dabei nehmen die Jugendlichen unter anderem ein Elektromyogramm auf, messen das Diffusionspotenzial an zwei verschiedenen Membranen, um die Grundlagen von chemischem und elektrischem Gradienten zu verstehen, und testen ihre Lesefähigkeit mit Hilfe der Elektrookulografie (Abbildung 3).

### Nachhaltigkeit und Ökologie

Am Gläsernen Labor wurden im Frühjahr erfolgreich mehrere Bienenvölker angesiedelt. Auf Wildblumenwiesen direkt auf dem Campus finden sie vielfältige Nahrung (Abbildung 4). In Ferienkursen lernen Grundschüler, wie das Naturprodukt Honig entsteht, welche Stoffe enthalten sind und wodurch sich Sorten unterscheiden. Künftig können sich Schülerinnen und Schüler der Sekundarstufe II mit spezielleren Fragen beschäftigen, etwa wie es Bienen gelingt, eine konstante Temperatur im Bienenstock zu halten. Dabei werden Daten mit Temperatur- und Feuchtigkeitssensor und digitaler Waage direkt im Bienenstock gemessen. Darüber hinaus lernen die Jugendlichen, welchen Gefährdungen Bienenvölker ausgesetzt sind.

### Wissensvermittlung über alle Altersstufen

Nicht nur Kurse, sondern auch Vorlesungen und andere Formen spielen bei der Bildungsarbeit des Gläsernen Labors eine Rolle. Die Vorlesungsreihe „Neue Wege in der Biomedizin“ vermittelt zum Beispiel aktuelle Trends und Forschungserkenntnisse – etwa zur Hirnforschung oder zu SARS-CoV-2. Sie richtet sich vor allem an Kursschülerinnen und -schüler sowie deren Lehrkräfte und bietet die Chance, mit den Vortragenden aus der Forschung direkt in Kontakt zu kommen.

Interessierte Schülerinnen und Schüler der Oberstufe können im Gläsernen Labor an Projektwochen teilnehmen. Themen sind „Klonierung in der Molekularbiologie und Biotechnologie“, „Systembiologie“ oder „CRISPR/Cas“. Die Wochen beinhalten eigenständiges Experimentieren im Schülerlabor, eine Führung in ein Forschungslabor und einen intensiven Erfahrungsaustausch mit Wissenschaftlern und Technischen Angestellten (Abbildung 5). Im Sommer finden auf dem Campus Berlin-Buch auch Akademien für besonders begabte Schülerinnen und Schüler in den MINT-Fächern statt. Regelmäßig qualifizieren sich hier auch Jugendliche bei der Bio- oder Chemieolympiade oder der MINT-Initiative. Darüber hinaus bieten die „Forscherferien“ eine sinnvolle Feriengestaltung. Die Spannweite des Schülerlabors reicht jedoch noch weiter: Mit dem „Forschergarten“ fördert das Gläserne Labor bereits die wissenschaftliche Neugier von Kindern im Kita- und Grundschulalter; die zur Personalqualifizierung gegründete Akademie des Gläsernen Labors bildet dagegen Fachkräfte aus der Forschung weiter.

### In Zukunft auch digital

Die Covid-19-Pandemie hat dem Bildungsbereich aufgezeigt, wie schnell Präsenzkurse an ihre Grenzen stoßen können. Im Gläsernen Labor werden derzeit Online-Labor-



**ABB. 4 Im Frühjahr 2020 wurden gezielt Wildblumen auf dem Campus angepflanzt.** Foto: David Ausserhofer/Campus Berlin-Buch GmbH.



**ABB. 5 Lernen beim eigenständigen Experimentieren.** Foto: Peter Himsel/Campus Berlin-Buch GmbH.

kurse konzipiert, die Experimente digital erleben lassen. Interaktive Module werden es erlauben, dass die Kinder und Jugendlichen Experimente mitplanen, sie via Live-Schaltung verfolgen und dabei Fragen an die Experimentierenden stellen. Auch die Auswertung wird Gemeinschaftssache sein. Spielerisch in den Wettbewerb zu treten, dabei die neuen Medien zu nutzen und das Labor live zuzuschalten – all dies wird künftig das Angebotspektrum des Gläsernen Labors bereichern.

*Christine Minkewitz, Berlin*

### BESUCHERINFORMATION

Mehr zu unseren Veranstaltungen und Vorträgen finden Sie unter [www.glaesernes-labor.de](http://www.glaesernes-labor.de).

## PARTNER DES MENSCHEN

## Mais – ein Geschenk der „Neuen“ Welt an die „Alte“

*Mais (Zea mays L.) ist eine der ältesten Kulturpflanzen der Welt und zählt neben Weizen und Reis zu den wichtigsten Nahrungspflanzen. Seine Domestikation erfolgte in Mittelamerika vor etwa 8.700 Jahren. Columbus brachte im Jahr 1493 Mais aus der Karibik nach Spanien, von wo aus dieser weiter verbreitet wurde. Obwohl schon lange bekannt, erfolgte ein intensiver Maisanbau in Deutschland erst ab den 1960er Jahren.*



**ABB. 1 Gelber Badischer Landmais.** Foto: A. E. Melchinger, B. Devezi.

Der Mais stammt vom tropischen Wildgras Teosinte ab und verbreitete sich vor ca. 8.000 Jahren zunächst in weiten Teilen der „Neuen Welt“. In der Mythologie der Olmeken und der Maya sowie in der Entwicklung ihrer Hochkulturen nimmt Mais eine zentrale Rolle bei der Schöpfung des Menschen ein. Columbus brachte im Jahr 1493 sowohl Körner als auch das indianische Wort „Mays“ für diese

Pflanze aus der Karibik nach Spanien. Spanische und portugiesische Seefahrer verbreiteten die neue Kulturpflanze in viele Teile der Welt, unter anderem nach Westafrika und Indien. Von Spanien aus dehnte sich der Maisanbau in den Mittelmeerraum und nach Kleinasien aus. In vielen Ländern Südeuropas und der Türkei wurde Mais eine wichtige Nahrungspflanze (z. B. Polenta in Italien). Aufgrund jüngster Untersuchungen wird davon ausgegangen, dass im 16. Jahrhundert eine weitere Introgression von Mais nach Europa stattgefunden hat. Nordeuropäische Seefahrer, welche die Küste Nordamerikas erkundeten, brachten Körner dieses *Northern Flint* mit. Aus diesem Material haben sich die mitteleuropäischen Landrassen, wie beispielsweise der „Gelbe Badische Landmais“, entwickelt (Abbildung 1, [1]).

### Genetische Diversität

Mit der Ausbreitung des Maisanbaus in unterschiedliche ökogeografische Regionen Mittel- und Südamerikas sowie gezielte Selektion durch indianische Völker entwickelte sich eine außerordentlich große Formenvielfalt (ca. 250 Landrassen), von der die Maiszüchtung bis heute profitiert. In der Hybridzüchtung haben allerdings nur zwei (*Northern Flint*, *Cornbelt Dent*) eine herausragende Bedeutung erlangt. In den wichtigsten Genbanken für Mais am CIMMYT in Mexiko und Fort Collins in den USA lagern zusammen ca. 33.000 Maisakzessionen. Aufgrund molekulargenetischer Analysen gilt der Mais als die Kultur-

pflanze mit der größten Diversität. Die früher gebräuchliche Einteilung nach der Kornform in Dent- und Flintmais ist ohne züchterische Bedeutung, da diese Unterschiede nur von wenigen Genen bestimmt werden (Abbildung 2, [1]).

Seit den 1920er Jahren bis heute ist der Mais ein bevorzugtes Studienobjekt von Pflanzengenetikern, an dem wichtige wissenschaftliche Erkenntnisse wie die Entdeckung von springenden Genen (Transposons) gewonnen wurden. Das in 10 Chromosomen organisierte Maisgenom hat eine genetische Länge von 1.600 cM und eine physikalische Länge von 2.500 Mb. Es ist damit fünfmal so groß wie das Reisgenom und nur etwa halb so groß wie das Gerstengenom [2].

In der Maiszüchtung werden seit den 1980er Jahren molekulare Marker zur Erstellung von Kopplungskarten, Beschreibung der Diversität und indirekten Selektion von Merkmalen eingesetzt. Parallel zur Entwicklung von DNA-Markern gelangen auch bahnbrechende Neuerungen wie die 2009 publizierte Sequenzierung des Genoms [2]. Die Autoren schätzten die Anzahl der Gene auf über 32.000. Inzwischen werden DNA-Sequenzen zur Genotypisierung eingesetzt, und in vielen Zuchtprogrammen ist die Ergänzung der konventionellen phänotypischen Selektion durch eine genom-basierte Selektion etabliert. Aufgrund der damit möglichen Verkürzung der Züchtungszyklen kann die Effizienz von Zuchtprogrammen deutlich verbessert werden. Ursprünglich stammt der Mais aus Regionen mit Kurztag und verhält sich photoperiodisch sensitiv. Aus den Höhenlagen stammende Maisformen verhalten sich in der Regel tageslängenneutral. Letzteres gilt auch für den *Northern Flint*, der gut an die Langtagverhältnisse Mitteleuropas angepasst ist. Eine fotoperiodische Anpassung an mitteleuropäische Langtagverhältnisse ist Voraussetzung für das Erreichen der Blüte bis spätestens Mitte August und ausreichende Abreife und Ernte im Herbst.

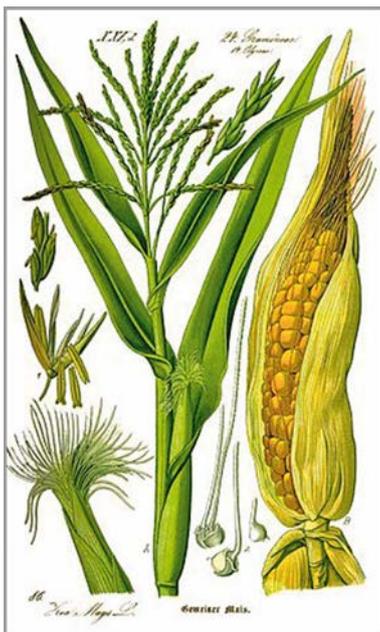


**ABB. 2 Bunte Vielfalt.** Foto: A. E. Melchinger, B. Devezi.

### Fortpflanzung und Züchtung

Der Mais ist eine einhäusige Pflanze mit getrennten Sexualorganen. Der weibliche Blütenstand entwickelt sich aus einer Achselknospe an der Basis einer Blattscheide. Aus den Fruchtknoten wachsen lange Narbenfäden heraus, die an der Spitze des von sogenannten Lieschblättern eingeschlossenen Kolbens als büstchenförmiges Büschel (Seide, engl. silk) erscheinen. Der männliche Blütenstand sitzt an der Stängelspitze und ist botanisch eine Rispe (Fahne). Die Reifung der Pollenkörner erfolgt mehrere Tage früher (Protandrie) als das Erscheinen der Narbenfäden. Die sehr leichten Pollenkörner werden durch Wind übertragen. Sowohl Protandrie als auch Windbestäubung begünstigen die Fremdbefruchtung beim Mais (z. B. bei offen abblühenden Landsorten, Abbildung 3).

Wird die weibliche Blüte mit Pollen der eigenen Pflanze bestäubt, so entwickeln sich Selbstungskörner. Durch fortgesetzte Selbstung über mindestens sechs Generationen entstehen genetisch fixierte Inzuchtlinien, die als Erbkomponenten (Kreuzungseltern) von Hybriden in



**ABB. 3 Maispflanze.** Abb.: Wikipedia, gemeinfrei, Original: Prof. Dr. Otto Wilhelm Thomé, Flora von Deutschland, Österreich und der Schweiz 1885, Gera.

der Sortenzüchtung genutzt werden. Seit ca. zwei Dekaden wird dieses Verfahren ersetzt durch die Entwicklung von doppelhaploiden Linien. Hierbei werden aus heterozygoten Ausgangspflanzen durch Bestäubung mit sogenannten Induktoren Körner mit haploidem Chromosomensatz erzeugt, aus denen – meist nach Behandlung mit Colchizin – reinerbige diploide Linien in einer Generation entstehen. Die getrennten Geschlechtsorgane, welche das Sammeln des Pollens und Entfernen der männlichen Rispe (Entfahnen) erleichtern, sowie das einfache Isolieren (Eintüten) und Bestäuben der weiblichen Blüte sind ideale Voraussetzungen für genetische Experimente und die Durchführung der Hybridzüchtung. Erst 1951 wurde in Deutschland mit Hybridzüchtungsprogrammen begonnen, und 1965 erfolgte die Zulassung der ersten Sorte. Bis heute wird bei Körnermais mit einem Zuchtfortschritt von 2,5 Prozent pro Jahr gerechnet. Bei der Herstellung von Hybriden durch Kreuzung nicht-verwandter Inzuchtlinien tritt eine signifikante Mehrleistung im Vergleich zur mittleren Leistung der Eltern auf (Abbildung 4). Dieses Phänomen wurde bereits vor über 100 Jahren von G. H. Shull als *Heterosis* beschrieben, der darauf basierend das Verfahren der Hybridzüchtung vorschlug [1].

### Vielfalt der Nutzung

In Mitteleuropa war der Mais über mehrere Jahrhunderte nur ein Exot in botanischen Gärten. Erst im 19. Jahrhundert erwachte auf der Suche nach neuen Nutzpflanzen auch in Deutschland ein breiteres Interesse an dieser Pflanzenart. In klimatisch begünstigten Regionen etablierte sich der Anbau von Körnermais. Noch heute existieren in Südbaden die speziellen Trocknungs- und Lagerschuppen für Maiskolben. In weniger günstigen Anbauregionen wurde der Mais als Grünmais noch vor der Blüte geerntet, zerkleinert und frisch an das Vieh verfüttert (Sommerstallhaltung). Der großflä-



**ABB. 4 Hybride zeigen eine signifikante Mehrleistung im Vergleich zur mittleren Leistung der Elternlinien: Linie A, F1-Hybrid, Linie B.** Foto: A. E. Melchinger, B. Devezi.

chige Anbau von Silomais (Ernte der ganzen Pflanze, Körner in der Teigreife – also wenn sie noch weich sind) erfolgte erst seit den 1960er Jahren. Bereits 1990 hatte sich die Anbaufläche in Deutschland auf 1,9 Mio. Hektar ausgedehnt und erreichte 2012 2,5 Mio. Hektar. Neben geeigneten Sorten wurde der Anbau von Silomais durch seine günstigen Siliereigenschaften und die Entwicklung von schlagkräftigen Saat- und Erntemaschinen begünstigt. Diese Technologien plus entsprechende Spezialsorten ebneten den Weg zum Anbau von Energiemais für Biogasanlagen in größerem Umfang [1]. Der Anteil der Körnermaisfläche beträgt derzeit ca. 20 Prozent. Mais ist heute ein wichtiger Lieferant für die Gewinnung von glutenfreien Lebensmitteln und Industrierohstoffen für über 600 Produkte [3].

### Literatur

- [1] A. E. Melchinger et al., Biotechnologie und Züchtung. In: Handbuch Mais. N. Lütke Entrup et al. (eds), DLG-Verlag, Frankfurt, 2013, 53–66.
- [2] H. C. Becker, Pflanzenzüchtung. Verlag Ulmer, Stuttgart, 2011.
- [3] T. Miedaner, Kulturpflanzen. Springer-Spektrum, 2014.

Zum Weiterlesen:  
[www.maiskomitee.de](http://www.maiskomitee.de)

Ulrich K. Posselt, Ostfildern  
Albrecht E. Melchinger, Stuttgart



## MANAGEMENT-FALLSTRICKE, TEIL 8

### Soziales Faulenzen

*Fehlentscheidungen sind menschlich. Wir aber lassen in unserer Serie „Management-Fallstricke“ einmal die Tiere zu Wort kommen. In Form von Fabeln vermittelt unsere Autorin Andrea Hauk in anschaulicher Weise typische Denkfehler, die auf allen Managementebenen zu Hause sind. Vielleicht sind Sie ja selbst auch schon einmal in die eine oder andere Falle getappt?*

Willi Waschbär wurde beauftragt, den großen Landeplatz am Waldrand auszubauen. Sofort stellte er ein großes Projektteam zusammen. Jetzt wurde nicht mehr gekleckert, sondern geklotzt! Hofhund Harry wurde als Projektleiter vorgesehen. Unterstützen sollten Entwicklungsleiter Murmeltier Munja und Projektmanager Geißbock Bodo. Das Finanzielle sollte Kater Kajo koordinieren, Sepp die Schnecke das Partnermanagement, und Faultier Fabio sollte die Sitzungsprotokolle schreiben. Wiegand Wiesel war als Springer vorgesehen. Biene Benja und die Gemeine Stechfliege Vampus sollten das Subteam „Bau“ und damit auch die Arbeiten auf der Baustelle leiten, Werner Weberknecht die Materialbeschaffung.

Der Waschbär war zufrieden und überzeugt, seine besten Experten im Team zu wissen. Im Rahmen eines feierlichen Kick-off-Meetings startete schließlich das Projekt. Hofhund Harry trug stolz den Hut des Projektleiters. Klar, dass er sich jetzt nicht mehr groß an operativen Tätigkeiten beteiligen konnte. Für die eher simplen Gruppenarbeiten hatte er ja seine Leute. Dem Entwicklungsleiter Munja

Murmeltier waren neue Herausforderungen so kurz vor dem Winter lästig. Er begab sich daher auch schon tags darauf in den wohlverdienten Winterschlaf. Biene Benja koordinierte als Leiterin des Subteams „Bau“ die Arbeiten auf der Baustelle. Ihr gleichberechtigter Partner Vampus war auch vor Ort, aber da die Biene alles unter Kontrolle zu haben schien, sah er keine Notwendigkeit hier Hand anzulegen.

Anfänglich klappte das auch. Doch immer mehr und mehr Arbeiten blieben liegen. Es schien so, als hätte die Biene als einzige den Überblick über das Gesamtprojekt. Sie kontrollierte, deligierte, arbeitete, analysierte, priorisierte. Ab und zu kam der Projektmanager Geißbock Bodo vorbei und verlangte eine Anpassung ihrer Planung, und dann stand auch der Finanzcontroller Kater Kajo mit seinen leidigen Abschreibungen auf der Matte. Der Projektstrukturplan müsste für die Transparenz der Buchungen geändert werden, und die Auswertung des Projektfortschritts zeige seit ein paar Tagen einen negativen Wert an.

Als Hofhund Harry diese Nachricht vernahm, wurde er unruhig

und erkundigte sich auf der Baustelle nach dem Stand der Dinge. Biene Benja platzte der Kragen: „Munja das Murmeltier schläft, Geißbock Bodo hat keine Ahnung, Wiegand Wiesel bietet zwar immer Hilfe an, aber macht dann am Ende doch nichts und Werner Weberknecht ist nie auffindbar, wenn es um die Materialbeschaffung geht. Ich bin diejenige, die hier gefühlt 99 Prozent der Arbeit erledigt!“ Biene Benja reckte ihren Stachel und ließ ihn bedrohlich kreisen. Sepp die Schnecke, die für das Partnermanagement zuständig war, versuchte die Biene zu beruhigen: „Jetzt schalte mal einen Gang zurück. Alles wird gut werden.“ Sepp wusste, dass er selbst nicht der Schnellste war. Das Arbeitstempo zu drosseln, damit er selbst weniger träge aussah, war eine seiner beliebten Strategien. Ein schlechtes Gewissen hatte er dabei nicht. Man musste sich ja nur Faultier Fabio anschauen, der immer zu spät kam und zu früh ging. Warum also hetzen?

Hofhund Harry informierte Willi Waschbär über das aufgetretene Risiko des Projektverzuges. Willi Waschbär war zwar „not amused“, genehmigte aber fünf weitere Mitarbeiter. Ein neuer Projektstrukturplan wurde erstellt und die fehlerhaften Buchungen umbucht. Biene Benja suchte derweil nach Werner Weberknecht, um ihn an die Materialbestellung zu erinnern. Schließlich wurde das Team durch die unermüdliche Arbeit der Biene Benja noch rechtzeitig fertig. Pünktlich zur großen Übergabe und Eröffnung wachte auch Murmeltier Munja wieder auf. Gemeinsam mit der Biene Benja ließ er sich auf der großen Bühne feiern. Hofhund Harry nahm die kleine Anstecknadel stellvertretend für das ganze Team entgegen und trug sie mit Stolz auf seiner Brust.

**Und die Moral von der Geschichte: Ist der sinnvolle Beitrag im Team recht klein, faulenz man – jedoch nur selten allein.**

Ihre Andrea Hauk,  
andrea.hauk@gmx.de

#### FAKTENBOX

Teamarbeit bringt viele Vorteile, besonders wenn es sich um komplexe Aufgabenstellungen dreht. Wenn allerdings die Einzelleistung der Gruppenmitglieder zu wenig sichtbar ist, tendieren diese zum „sozialen Faulenzen“: Die Mitarbeiter nehmen sich unbewusst zurück und arbeiten getreu nach dem Motto „T-E-A-M – Toll, Ein Anderer Macht's“. Ein einprägsames Experiment hierzu führte der französische Agraringenieur Ringelmann vor über 130 Jahren durch, als er die Effizienz von Menschen beim Ziehen von Lasten alleine und in der Gruppe verglich und herausfand, dass Menschen in der Gruppe weit unter ihren eigentlichen Leistungen blieben. Wie also dem sozialen Faulenzen entgegenwirken? Ein wichtiger Hebel ist die Reduzierung der Gruppengröße, sowie die Identifizierbarkeit des Einzelnen. Sorgen Sie also dafür, dass jeder Einzelne das Gefühl hat, einen sinnvollen Beitrag zu leisten, den niemand anderes leisten kann. Das Klären von Rollen und Zuständigkeiten ist essentiell. Und aufgepasst: Soziales Faulenzen ist so ansteckend wie ein fauler Apfel in der Apfelkiste! Unterbinden Sie es daher, sobald Sie es bemerken. Ruht sich nämlich einer auf der Arbeit des anderen aus, so wird derjenige, der dies mitbekommt, es bald genauso machen.

## RÜCKBLICK

- 6/20 *Der Mann aus dem Eis*  
 6/20 „Small Talk“  
 6/20 *Leben und Überleben im Boden*  
 6/20 *Proteinfasern als Hochleistungsmaterial*  
 6/20 *Faszination Malakologie*
- 1/21 *Wie der Mensch das System Erde verändert*  
 1/21 *Der Kohlenstoffkreislauf im globalen Wandel*  
 1/21 *Klimaschutz mit Wald*  
 1/21 *Naturschutz und Klimawandel im Leipziger Auwald*  
 1/21 *Wie Bakterien Algen vernaschen*  
 1/21 *Ein Mikroorganismus mit Magnetsinn*  
 1/21 *Vegetarier mit Helfern*

Die Wiedergabe von Gebrauchsnamen, Handelsnamen, Warenbezeichnungen und dgl. in dieser Zeitschrift berechtigt nicht zu der Annahme, dass solche Namen ohne weiteres von jedermann benutzt werden dürfen. Vielmehr handelt es sich häufig um gesetzlich geschützte eingetragene Warenzeichen, auch wenn sie nicht eigens als solche gekennzeichnet sind. – **Alle Rechte vorbehalten**, insbesondere die der Übersetzung in fremde Sprachen. Kein Teil dieser Zeitschrift darf ohne schriftliche Genehmigung des Verlages in irgendeiner Form – durch Fotokopie, Mikrofilm oder irgendein anderes Verfahren – reproduziert oder in eine von Maschinen, insbesondere von Datenverarbeitungsmaschinen verwendbare Sprache übertragen oder übersetzt werden. Nur für den persönlichen und sonstigen eigenen Gebrauch sowie für nicht kommerzielle Zwecke dürfen von einzelnen Beiträgen oder Teilen von ihnen einzelne Vervielfältigungsstücke hergestellt werden. Der Inhalt dieses Heftes wurde sorgfältig erarbeitet. Dennoch übernehmen Autoren, Herausgeber, Redaktion und Verlag für die Richtigkeit von Angaben, Hinweisen und Ratschlägen sowie für eventuelle Druckfehler keine Haftung.

## BiuZ 3/2021 erscheint im August 2021

**Biologie in unserer Zeit**  
finden Sie im Internet unter  
[www.biuZ.de](http://www.biuZ.de)

Hat Ihnen dieses Heft gefallen, aber Sie sind noch kein VBIO-Mitglied?

Die Biuz gibt es exklusiv für VBIO-Mitglieder.  
Einfach beitreten unter [www.vbio.de/beitritt](http://www.vbio.de/beitritt)  
und viermal im Jahr die Lektüre genießen!



## IM NÄCHSTEN HEFT

### Edmonds Urzeitreich

Dinosaurier sind ausgezeichnete Botschafter, um Wissenschaft für alle erlebbar zu machen. Allerdings steht die räumliche Distanz zwischen Museum und Grabung dem oft entgegen. Das Senckenberg Museum geht deshalb neue Wege und holt die Grabung nach Frankfurt, so dass die Besucher an der Arbeit der Wissenschaftler hautnah teilnehmen können.



Grafik: Dirk Baum, Die Infografen.

### Biologische Optimierung im Meer

Das Meer steckt noch immer voller Geheimnisse. Welche Baupläne, Mechanismen, Optimierungsprozesse und Funktionen liegen den darin lebenden Organismen zugrunde? Die maritime Funktionsmorphologie möchte diese Fragen beantworten und neue Ideen für technische Umsetzungen beitragen.



Foto: Wikipedia.

### Ernährung und Epigenetik

Das Ernährungsmuster der Mutter prägt das Epigenom des Embryos. Auf diese Weise hat es einen großen Einfluss auf die Gesundheit der Nachkommen im späteren Leben. Vor allem der permanente Konsum hochkalorischer, ungesunder Convenience-Produkte während der Schwangerschaft kann das Risiko für Zivilisationskrankheiten erhöhen.



Foto: Boris Gonzalez.

### Schwarmintelligenz

Schwärme, Herden oder Staaten zeigen intelligentes Verhalten, das von keinem seiner Mitglieder alleine hervorgebracht werden kann. Vielmehr entstammt es einem „Superorganismus“. Die Vernetzung vieler Individuen zu einem übergeordneten System findet sich mehrfach auf zellulärer bis organischer Ebene und führt zu synergistischen Effekten.



Foto: Sarah Swenty.

### Giftige Nahrungspflanzen

Nahrungspflanzen und Gift – das sollte sich eigentlich widersprechen. Manche Nutzpflanzen schützen sich allerdings durch cyanogene Glykoside, die beim Verzehr die für Tiere potenziell tödliche Blausäure freisetzen. Wir finden sie u. a. in den Samen von Mandel, Pfirsich und Aprikose, aber auch in Weltwirtschaftspflanzen wie Maniok, Sorghum, Yams und Zuckerrohr.



Foto: Reinhold Geiger.



Verband | Biologie, Biowissenschaften  
& Biomedizin in Deutschland

**GEMEINSAM  
FÜR DIE**

**BIEWISSENSCHAFTEN**

### **Gute Gründe, dem VBIO beizutreten:**

- Werden Sie Teil des größten Netzwerks von Biowissenschaftlern in Deutschland
- Unterstützen Sie uns, die Interessen der Biowissenschaften zu vertreten.
- Nutzen Sie Vorteile im Beruf
- Bleiben Sie auf dem Laufenden – mit dem VBIO-Newsletter und dem Verbandsjournal „Biologie in unserer Zeit“
- Treten Sie ein für die Zukunft der Biologie



[www.vbio.de](http://www.vbio.de)

**Jetzt beitreten!**

